

日 本 国 特 許 庁

PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

#2

JC997 U.S. PRO
09/873510
06/04/01

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日

Date of Application:

2000年 6月28日

出 願 番 号

Application Number:

特願2000-195194

出 願 人

Applicant (s):

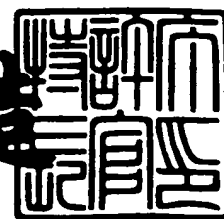
ヤマハ発動機株式会社

CERTIFIED COPY OF
PRIORITY DOCUMENT

2001年 2月 9日

特許庁長官
Commissioner,
Patent Office

及 川 耕 造



出証番号 出証特2001-3006797

【書類名】 特許願

【整理番号】 12107

【提出日】 平成12年 6月28日

【あて先】 特許庁長官 殿

【発明者】

【住所又は居所】 静岡県磐田市新貝 2 5 0 0 番地 ヤマハ発動機株式会社
内

【氏名】 岸 知昭

【特許出願人】

【識別番号】 000010076

【氏名又は名称】 ヤマハ発動機株式会社

【代理人】

【識別番号】 100066452

【弁理士】

【氏名又は名称】 八木田 茂

【選任した代理人】

【識別番号】 100064388

【弁理士】

【氏名又は名称】 浜野 孝雄

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 008796

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 9116906

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 進化型計算を用いた最適化方法における進化効率化方法

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 複数の個体からなる個体群で一つの世代を形成し、少なくとも、その世代の個体を使って演算を行い、次世代の個体群を作成する操作を繰り返すことにより適応度の高い個体を得る進化型計算を用いた最適化方法において、

解空間に次世代の個体の探索領域を設け、前記探索領域内で次世代の個体群を作成する

ことを特徴とする進化型計算を用いた最適化方法における進化効率化方法。

【請求項 2】 進化の状況に応じて前記探索領域の位置と大きさを変更することを特徴とする請求項 1 に記載の進化効率化方法。

【請求項 3】 現世代の個体群の中で最も高い評価値が得られた個体の解空間上における位置を次世代の探索領域の中心位置とする

ことを特徴とする請求項 1 又は 2 に記載の進化効率化方法。

【請求項 4】 現世代の各個体の解空間上の位置に対する各個体に対して与えられた評価値を重みとした加重平均位置を次世代の探索領域の中心位置とする

ことを特徴とする請求項 1 又は 2 に記載の進化効率化方法。

【請求項 5】 現世代の各個体に与えられる評価値に基づいて、次世代の探索領域の大きさを変更する

ことを特徴とする請求項 1 ～ 4 の何れか一項に記載の進化効率化方法。

【請求項 6】 現世代の個体群の中で最も高い評価値が得られた個体の評価値に基づいて次世代の探索領域の大きさを変更する

ことを特徴とする請求項 5 に記載の進化効率化方法。

【請求項 7】 現世代の各個体に与えられた評価値の平均値に基づいて次世代の探索領域の大きさを変更する

ことを特徴とする請求項 6 に記載の進化効率化方法。

【請求項 8】 進化過程において作成された個体の解空間上での位置に基づいて次世代の探索領域の大きさを変更する

ことを特徴とする請求項 6 に記載の進化効率化方法。

【請求項 9】 現世代の探索領域の中心位置と、新しく求めた次世代の探索領域の中心位置との間の解空間上における距離を算出し、この距離に基づいて次世代探索領域の大きさを変更する

ことを特徴とする請求項 6 に記載の進化効率化方法。

【請求項 10】 現探索領域における新しく求めた次世代の探索領域の中心位置に基づいて次世代探索領域の大きさを変更する

ことを特徴とする請求項 6 に記載の進化効率化方法。

【請求項 11】 前記次世代の探索領域内で次世代の候補個体群を作成し、任意の次世代候補個体間の解空間上における距離を算出し、この個体間距離情報に基づいて次世代の個体群の解空間上における位置を制限するように候補個体の中から次世代の個体群となる個体を選択する

ことを特徴とする請求項 1 ～ 10 の何れか一項に記載の進化効率化方法。

【請求項 12】 前記次世代の探索領域内で次世代の候補個体群を作成し、これらの候補個体と、現世代までに作成された個体との間の解空間上における距離を算出し、該個体間距離情報に基づいて、次世代の個体群の解空間上における位置を制限するように、これらの候補個体の中から次世代の個体群となる個体を選択する

ことを特徴とする請求項 1 ～ 10 の何れか一項に記載の進化効率化方法。

【請求項 13】 前記次世代の探索領域内で次世代の候補個体群を作成し、任意の次世代候補個体間の解空間上における距離を算出すると共に、これらの候補個体と、その前の世代の個体との間の解空間上における距離を算出し、これらの個体間距離情報に基づいて、次世代の個体群の解空間における位置を制限するように、これらの候補個体の中から次世代の個体群となる個体を選択する

ことを特徴とする請求項 1 ～ 10 の何れか一項に記載の進化効率化方法。

【請求項 14】 算出した個体間距離が予め定めた範囲内にある候補個体を次世代の個体群となる個体として選択する

ことを特徴とする請求項 11 ～ 13 の何れか一項に記載の進化効率化方法。

【請求項 15】 個体が持つパラメータをベクトルで表し、これらのベクトルの同じ成分どうしの差を絶対値で求め、これらの和を個体間距離とする

ことを特徴とする請求項 1 1 ～ 1 4 の何れか一項に記載の進化効率化方法。

【請求項 1 6】 個体を持つパラメータをベクトルで表し、これらのベクトルの差について求めたノルムの 2 乗を個体間距離とする

ことを特徴とする請求項 1 1 ～ 1 4 の何れか一項に記載の進化効率化方法。

【発明の詳細な説明】

【0 0 0 1】

【発明の属する技術分野】

本発明は進化型計算における進化の効率化を図ることができる方法に関する。

【0 0 0 2】

【従来の技術】

従来から進化型計算においては、複数の個体からなる一つの世代を形成し、その世代の中から個体の淘汰を行って親個体を残し、親個体を用いた交叉や突然変異等の演算を行うことにより、次世代の個体群を作成しており、この操作を繰り返すことにより適応度の高い個体を得ていた。

【0 0 0 3】

【発明が解決しようとする課題】

しかし、進化過程において個体が解空間のどの位置に作成されるかはランダムであり、この個体作成位置のランダム性により、状況によっては個体が解空間上において狭い領域に集中して作成されてしまうことがあるという問題があった。このように、個体が狭い領域に集中して作成されるということは、似たような個体が多く作成されているということなので、個体の多様性が失われ進化が進まなくなるので進化型計算では大きな問題となる。

また、上記の場合とは逆に、複数の個体が解空間上において必要以上に離れて作成されてしまうこともある。このように、作成された複数の個体の距離が必要以上に離れている傾向が強くと最適解付近の個体を得られずに進化が収束しないという問題が発生してしまう。

本発明は、上記した従来の問題点を解決し、次世代の個体を作成する際に、解空間上における個体の位置をある程度制限できるようにして進化を効率よく進めることができる進化型計算における進化効率化方法を提供することを目的として

いる。

【0004】

【課題を解決するための手段】

上記した目的を達成するために、本発明に係る進化型計算を用いた最適化方法における進化効率化方法は、複数の個体からなる個体群で一つの世代を形成し、少なくとも、その世代の個体を使って演算を行い、次世代の個体群を作成する操作を繰り返すことにより適応度の高い個体を得る進化型計算を用いた最適化方法において、解空間に次世代の個体の探索領域を設け、前記探索領域内で次世代の個体群を作成することを特徴とするものである。

【0005】

【発明の実施の形態】

以下、添付図面に示した幾つかの実施例を参照しながら本発明に係る進化型計算を用いた最適化方法における進化効率化方法（以下、単に進化効率化方法と称する。）の実施の形態について説明する。

【0006】

図1は、本発明に係る進化効率化方法を適用した最適化装置の概略ブロック図である。

【0007】

図面に示すように、この最適化装置は、進化型計算部20と進化効率化部30とを備えている。

【0008】

前記進化型計算部20は、初期個体作成部21、評価値取得部22及び次世代個体作成部23を備え、遺伝的アルゴリズム等の進化型計算を実際に行う。

初期個体作成部21は、進化効率化部30における探索領域初期値設定部31で決められた探索領域に基いて初期個体の集合を作成する。

評価値取得部22は、初期個体作成部21又は次世代個体作成部23で作成された各個体の評価値を全ての個体について獲得する。具体的には、個体集合内の遺伝子型個体を表現型個体に変換し、その表現型個体に対する評価値を獲得するという操作を繰り返すことにより、全ての個体に対する評価値を獲得する。

次世代個体作成部 2 3 は、進化効率化部 3 0 における探索領域変更部 3 3 で決められた探索領域内で次世代の個体集合を作成する。尚、通常、この次世代個体作成部 2 3 では、交叉や突然変異等の遺伝演算を用いて次世代の個体を作成するが、探索領域を設けることにより個体の作成範囲を絞ることができるので、以下のような方法でも次世代の個体を作成することができる。

- ・探索領域内で作成可能な個体を一度全て作成し、作成した個体の中から次世代の個体を選択する。

- ・探索領域内でランダムに個体の作成を行う。

- ・探索領域内で実験計画法を用いて個体の作成を行う。

【 0 0 0 9 】

進化効率化部 3 0 は、探索領域初期値設定部 3 1、データ蓄積部 3 2、及び探索領域変更部 3 3 を備えている。

探索領域初期値設定部 3 1 は、個体の探索領域の位置・大きさの初期値を設定する。初期個体作成部 2 1 では、この初期値の探索領域内で初期個体の作成を行う。

データ蓄積部 3 2 は、進化型計算部 2 0 において作成された個体、その個体に与えられた評価値、及び個体の作成時期等の情報を蓄積する。

探索領域変更部 3 3 は、次世代個体作成部 2 3 において次世代の個体がより最適解に近い所で作成されるように、個体の探索領域の位置及び大きさをどのように変化させるのかを進化の状況に応じて決定し、実際に探索領域の位置及び大きさの変更を行う。具体的には、図 2 のフローチャートに示すように、進化型計算部 2 0 における次世代個体作成部 2 3 で次世代の個体の作成を行う前に、探索領域の位置及び大きさの変更を行うか否かを判断し（ステップ 6 - 1）、位置及び大きさの変更を行うと判断した場合には、データ蓄積部 3 2 に蓄積されたデータに基いて探索領域の中心位置を決定し、その変更を行い（ステップ 6 - 2）、さらに、探索領域の大きさを決定し、その変更を行う（ステップ 6 - 3）。

位置及び大きさの変更を行う時期は任意であり、毎世代行っても良い。次世代個体作成部 2 3 は、この探索領域変更部 3 3 により決められた探索領域内で次世代の個体の作成を行う。

【0010】

以下に、探索領域変更部33における探索領域の位置と大きさの変更方法について説明する。

【0011】

(探索領域の位置の変更)

探索領域変更部33は、より高い評価値が得られると予測される領域に探索領域の位置を変更する。具体的には、以下の二つの方法が挙げられる。

(c) 探索領域の中心位置を現世代のエリート個体の位置とする。

(d) 探索領域の中心位置を現世代の各個体の位置に対する評価値を重みとした加重平均位置とする。

具体的には、例えば、現世代の個体集合内の個体が $X_i = (X_{i1}, X_{i2} \dots \cdot X_{in})$ であり、個体 X_i に与えられる評価値が Y_i ($i=1 \sim N$: N =集合内の個体数) とすると、上記方法(c)の場合は、 Y_i の値が最も大きい個体 X_i が次世代の探索領域の中心位置 $X_c = (X_{c1}, X_{c2} \dots \cdot X_{cn})$ として設定され、上記方法(d)の場合には、次式により次世代の探索領域の中心位置 X_c が求められる。

$$X_{cj} = \frac{\sum_{i=1}^N X_{ij} Y_i}{\sum_{i=1}^N Y_i} \quad (j=1 \sim n) \quad \dots (5)$$

従って、ある世代が3個の個体 $X_1 = (20, 50)$ 、 $X_2 = (40, 30)$ 、 $X_3 = (100, 20)$ からなり、個体 X_1 に与えられた評価値 Y_1 が70であり、個体 X_2 に与えられた評価値 Y_2 が90であり、個体 X_3 に与えられた評価値 Y_3 が40の場合、方法(c)及び(d)を用いて求められる次世代の探索領域の中心位置 X_c は、次のようになる。

方法(c)の場合：

最も高い評価値 Y_2 が与えられた個体 $X_2 = (40, 30)$ が次世代の探索領域の中心位置 X_c となる。

方法(d)の場合：

$$X_{c1} = (20 \times 70 + 40 \times 90 + 100 \times 40) / (70 + 90 + 40)$$

$$) = 9000 / 200 = 45$$

$$Xc2 = (50 \times 70 + 30 \times 90 + 20 \times 40) / (70 + 90 + 40) \\ = 7000 / 200 = 35$$

次世代の探索領域の中心位置 $Xc = (45, 35)$

【0012】

(探索領域の大きさの変更)

また、探索領域変更部33は、現世代の個体が最適解に近いと予測される場合には次世代の個体の探索領域を小さく、最適解から遠いと予測される場合には次世代の個体の探索領域を大きくする。具体的には、以下の四つの方法(e)～(h)が挙げられる。

(e) 現世代のエリート個体の評価値により変更

(e-1) 現世代のエリート個体の評価値が大きい程、探索領域を小さくする。

(e-2) 現世代のエリート個体の評価値から、現世代までに作成された全個体について、与えられた評価値の平均を差し引いた値が大きいほど、探索領域を小さくする。

(e-3) 現世代のエリート個体の評価値から、現世代の個体に与えられた評価値の平均を差し引いた値が大きいほど、探索領域を小さくする。

探索領域の大きさの変更は、現世代の大きさを基準に行ってもよく、現世代の大きさに関係なく行ってもよい。

上記方法(e-1)のさらに具体的な例を図3を参照して説明する。

図3Aは上記方法(e-1)を使用して現世代の探索領域の大きさを基準に次世代の探索領域の大きさを決める例を示している。ここで探索領域の大きさ($X1$, $X2$)は探索領域の $X1$ 方向における中心から端までの距離と、 $X2$ 方向における中心から端までの距離を示している。探索領域変更部33は、図3A(a)の表に示すように、予めエリート個体の評価値 Y の値に対する探索領域の大きさ(中心から端までの距離)の変更量をデータとして記憶しており、この表に基づいて探索領域の大きさを変更する。従って、例えば、 i 世代のエリート評価値 Y の値が90の場合には、図3A(a)の表によると探索領域の大きさの変更量は $X1$ 方向が-10であり、 $X2$ 方向が-5となるので、図3A(b)に示すように、 i

世代の探索領域の大きさ(20, 20)に基いて次世代の探索領域の大きさは(10, 15)となる。尚、図3A(b)中、白抜き丸は*i*世代目の探索領域の中心位置であり、白抜きの四角は*i*世代目の探索領域であり、黒丸は*i*+1世代目の探索領域の中心位置であり、斜線を施した四角は*i*+1世代目の探索領域である。

図3Bは上記方法(e-1)を使用して現世代の探索領域の大きさに関係なく次世代の探索領域の大きさを決める例を示している。探索領域変更部33は、図3B(a)の表に示すように、予めエリート個体の評価値*Y*の値に対する探索領域の大きさ(中心から端までの距離)をデータとして記憶しており、この表に基いて探索領域の大きさを変更する。従って、例えば、*i*世代のエリート評価値*Y*の値が90の場合には、図3B(a)の表によると探索領域の大きさは(10, 15)となるので、図3B(b)に示すように、*i*世代目の探索領域の大きさに関係なく、*i*+1世代目の探索領域の大きさは(10, 15)に変更される。

(f) 現世代の個体に与えられた評価値の平均により変更

(f-1) 現世代の個体に与えられた評価値の平均値が大きいほど、領域を小さくする。

(f-2) 現世代の個体に与えられた評価値の平均値から現世代までに作成された全個体について、与えられた評価値の平均を差し引いた値が大きいほど、領域を小さくする。

探索領域の大きさの変更は、現世代の大きさを基準に行ってもよく、現世代の大きさに関係なく行ってもよい。

(g) 探索領域の中心位置の移動距離に応じて変更

現世代の探索領域の中心位置と次世代の探索領域の中心位置との間の距離が長いほど、領域を大きくする。

上記方法(g)のさらに具体的な例を図4を参照して説明する。

図4Aは上記方法(g)を使用して現世代の探索領域の大きさを基準に次世代の探索領域の大きさを決める例を示している。探索領域変更部33は、図4A(a)の表に示すように、予め探索領域の中心位置の移動距離*d*、即ち、*i*世代目の探索領域の中心位置と、*i*+1世代目の探索領域の中心位置との間の距離*d*に対

する探索領域の大きさ（中心から端までの距離）の変更量をデータとして記憶しており、この表に基いて探索領域の大きさを変更する。従って、例えば、前記中心位置の移動距離 d が 5 の場合には、図 4 A (a) の表によると探索領域の大きさの変更量は X_1 方向が -10 であり、 X_2 方向が -5 となるので、図 4 A (b) に示すように、 i 世代の探索領域の大きさ $(20, 20)$ に基いて次世代の探索領域の大きさは $(10, 15)$ となる。尚、図 8 A (b) 中、白抜きの丸は i 世代目の探索領域の中心位置であり、白抜きの四角は i 世代目の探索領域であり、黒丸は $i + 1$ 世代目の探索領域の中心位置であり、斜線を施した四角は $i + 1$ 世代目の探索領域である。

図 4 B は上記方法 (g) を使用して現世代の探索領域の大きさに関係なく次世代の探索領域の大きさを決める例を示している。探索領域変更部 3 3 は、図 4 B (a) の表に示すように、予め探索領域の中心位置の移動距離 d に対する探索領域の大きさ（中心から端までの距離）をデータとして記憶しており、この表に基いて探索領域の大きさを変更する。従って、例えば、前記中心位置の移動距離 d が 5 の場合には、図 4 B (b) の表によると探索領域の大きさは $(10, 15)$ となるので、図 4 B (b) に示すように、 i 世代目の探索領域の大きさに関係なく、 $i + 1$ 世代目の探索領域の大きさは $(10, 15)$ に変更される。

(h) 次世代探索領域中心位置の現探索領域における位置に応じて変更

次世代探索領域中心位置が現探索領域においてその現探索領域の中心から遠い位置になるほど、領域を大きくする。

上記方法 (h) のさらに具体的な例を図 5 を参照して説明する。ここで探索領域の $\alpha\%$ 以上 β 未満の領域とは、探索領域の大きさを (X_1, X_2) とした場合、“探索領域中心からの大きさが $(X_1 \times \beta / 100, X_2 \times \beta / 100)$ の領域” から “探索領域中心からの大きさが $(X_1 \times \alpha / 100, X_2 \times \alpha / 100)$ の領域” を除いた領域である。図 5 A は上記方法 (h) を使用して現世代の探索領域の大きさを基準に次世代の探索領域の大きさを決める例を示している。探索領域変更部 3 3 は、図 5 A (a) の表に示すように、予め次世代探索領域の中心位置が現探索領域内のどの領域に作成されたかというデータに対する探索領域の大きさ（中心から端までの距離）の変更量をデータとして記憶しており、この表

に基いて探索領域の大きさを変更する。従って、例えば、図 5 A (b) に示すように、 $i + 1$ 世代の探索領域中心位置が現探索領域の中心から 0 % 以上 2 5 % 未満の領域の場合には、探索領域の大きさの変更量は X 1 方向が - 1 0 であり、X 2 方向が - 5 となるので、図 5 A (b) に示すように、 i 世代の探索領域の大きさ (2 0, 2 0) に基いて次世代の探索領域の大きさは (1 0, 1 5) となる。尚、図 4 A (b) 中、白抜き丸は i 世代目の探索領域の中心位置であり、白抜きの四角は i 世代目の探索領域であり、黒丸は $i + 1$ 世代目の探索領域の中心位置であり、斜線を施した四角は $i + 1$ 世代目の探索領域であり、また、点線で示した四角は、 i 世代目の中心位置から 0 % 以上 2 5 % 未満の領域を示している。

図 5 B は上記方法 (h) を使用して現世代の探索領域の大きさに関係なく次世代の探索領域の大きさを決める例を示している。探索領域変更部 3 3 は、図 5 B (a) の表に示すように次世代探索領域の中心位置が現探索領域内のどの領域に作成されたかというデータに対する探索領域の大きさ (中心から端までの距離) の変更量をデータとして記憶しており、この表に基いて探索領域の大きさを変更する。従って、例えば、図 5 B (b) に示すように、 $i + 1$ 世代の探索領域中心位置が現探索領域の中心から 0 % 以上 2 5 % 未満の領域の場合には、探索領域の大きさは (1 0, 1 5) となるので、図 5 B (b) に示すように、 i 世代目の探索領域の大きさに関係なく、 $i + 1$ 世代目の探索領域の大きさは (1 0, 1 5) に変更される。

【 0 0 1 3 】

上記したように構成された進化型計算部 2 0 及び進化効率化部 3 0 における進化型計算処理の流れを図 1 0 のフローチャートを使って説明すると次のようになる。

始めに探索領域初期値設定部 3 1 において探索領域の位置と大きさの初期値 (初期探索領域) を決定する (ステップ 1 0 - 1) 。

次いで、初期個体作成部 2 1 において、初期探索領域の範囲内で遺伝子型個体集合を作成する (ステップ 1 0 - 2) 。

次に、評価値取得部 2 2 において、遺伝子型個体集合内の 1 つの遺伝子型個体を表現型に変換し、その個体に対する評価値を取得する (ステップ 1 0 - 3) 。

そして、個体と個体に与えられた評価値のデータをデータ蓄積部 3 2 に記憶させる（ステップ 1 0 - 4）。

集合内の全ての個体に対する評価値が得られたかどうかの判断を行い（ステップ 1 0 - 5）、全ての個体に対する評価値が得られていなければ、ステップ 1 0 - 3 及び 1 0 - 4 の処理を繰り返し、全ての個体に対する評価値が得られた後、探索領域変更部 3 3 においてデータ蓄積部 3 2 に蓄積されたデータに基いて次世代の探索領域の位置と大きさの変更を行う（ステップ 1 0 - 6）。

そして、次世代個体作成部 2 3 にて、探索領域変更部 3 3 で作成された新たな探索領域の範囲内で、遺伝演算等により遺伝子型個体集合を作成する（ステップ 1 0 - 7）。

【 0 0 1 4 】

ここで、上記した本発明にかかる進化効率化方法と組合せ可能な別の進化効率化方法の例について説明する。

図 7 は、本発明に係る進化効率化方法を適用した最適化装置の概略ブロック図である。

図面に示すように、この最適化装置は、進化型計算部 1 と進化効率部 1 0 とを備えている。

【 0 0 1 5 】

前記進化型計算部 1 は、初期個体作成部 2、評価値取得部 3 及び次世代個体作成部 4 を備え、遺伝的アルゴリズム等の進化型計算を実際に行う。

初期個体作成部 2 は、進化型計算の遺伝子型個体の第 1 の世代に相当する個体集合を作成し、この個体集合に基いて進化が開始される。

評価値取得部 3 は、初期個体作成部 2 又は次世代個体作成部 4 で作成された各個体の評価値を全ての個体について獲得する。具体的には、個体集合内の遺伝子型個体を表現型個体に変換し、その表現型個体に対する評価値を獲得するという操作を繰り返すことにより、全ての個体に対する評価値を獲得する。

次世代個体作成部 4 は、評価値取得部 3 で得られた各評価値を適応度に変換し、より高い評価値が得られるように演算を行い、次世代の遺伝子型個体集合を作成する。

【 0 0 1 6 】

進化効率化部 1 0 は、データ蓄積部 1 1、個体間距離算出部 1 2 及び個体集合操作部 1 3 を備えている。

データ蓄積部 1 1 は、進化型計算部 1 において作成された個体、その個体に与えられた評価値及び個体の作成時期などの情報を順次蓄積する。

【 0 0 1 7 】

個体間距離算出部 1 2 は、任意の 2 個体の距離を算出する。ここでいう距離とは、対象となる 2 個体がどの程度異なっているかを数値で表したものである。距離算出対象となる個体の形式は遺伝子型でも表現型でもよく、距離算出方法としては以下の 2 つの方法が挙げられる。

(a) 個体が持つパラメータをベクトルで表し、これらのベクトルの同じ成分同士の差の絶対値を求め、これらの和を個体間距離とする。

具体的には、個体 X a, X b 間の距離を算出する場合には、各個体の持つパラメータを次式 (1) 及び (2) のようにベクトルで表し、式 (3) を用いて各成分の差の絶対値の和を求め、それを個体間距離とする。

$$\text{個体 X a} = (X a_1, X a_2, \dots, X a_n) \quad \dots \dots (1)$$

$$\text{個体 X b} = (X b_1, X b_2, \dots, X b_n) \quad \dots \dots (2)$$

$$\text{個体間距離} = \sum_i^n |X a_i - X b_i| \quad \dots \dots (3)$$

従って、この方法 (a) によれば、例えば、X a = (20, 30, 15)、X b = (25, 30, 25) 間の個体間距離は次のように求められる。

$$\begin{aligned} \text{個体間距離} &= |20 - 25| + |30 - 30| + |15 - 25| \\ &= 5 + 0 + 10 \\ &= 15 \end{aligned}$$

(b) 個体が持つパラメータをベクトルで表し、これらのベクトルの差について求めたノルムの 2 乗を個体間距離とする。

具体的には、個体 X a, X b 間の距離を算出する場合には、各個体の持つパラ

メータを上記した式（１）及び（２）のようにベクトルで表し、次式（４）を用いて、これらのベクトルの差について求めたノルムの２乗を求め、それを個体間距離とする。

$$\begin{aligned} \text{個体間距離} &= ||X_a - X_b||^2 \\ &= \sum_{i=1}^n (X_{ai} - X_{bi})^2 \quad \dots \dots (4) \end{aligned}$$

従って、この方法（b）によれば、例えば、 $X_a = (20, 30, 15)$ 、 $X_b = (25, 30, 25)$ 間の個体間距離は次のように求められる。

$$\begin{aligned} \text{個体間距離} &= (20-25)^2 + (30-30)^2 + (15-25)^2 \\ &= 25 + 0 + 100 \\ &= 125 \end{aligned}$$

【 0 0 1 8 】

個体集合操作部 1 3 は、進化型計算部 1 における次世代個体作成部 4 で作成された次世代の候補個体の集合の中から、個体間距離算出部 1 2 で算出した個体間距離に基づいて次世代個体として使用する個体を選択する。

個体間距離に基づく次世代個体の選択方法を図 8 のフローチャートに基いて説明すると、

始めに、個体集合内の各候補個体についてデータ蓄積部 1 1 内の各個体との個体間距離を求め、その中で最小値を求める（ステップ 2-1）。

次に、個体集合内の各候補個体について自分以外の集合内の全ての個体との個体間距離を求め、その中で最小値を求める（ステップ 2-2）。

各候補個体について、上記ステップ 1 及びステップ 2 の処理で求めた二つの距離の最小値を求める（ステップ 2-3）。

そして、上記で求めた最小値が所定の範囲内に収まった個体を次世代個体として選択する（ステップ 2-4）。

尚、上記した例では、ステップ 2-3 において、ステップ 2-1 及びステップ 2-2 において求めた二つの距離の最小値を求め、ステップ 2-4 においてステ

ップ2-3で求めた値を基準に次世代の個体の選択しているが、これは、上記の例に限定されることなく、例えば、ステップ2-1及びステップ2-2において求めた二つの距離の一方又は両方が所定の範囲内に収まっているかどうかを基準として、次世代の個体を選択してもよい。

【0019】

以下に、図9を用いて、上記した次世代個体の選択方法をさらに具体的に説明する。

図9(a)及び(b)は、両方共、データ蓄積部11に蓄積された個体(図面には白丸で表されている。)と、次世代個体作成部4において作成された次世代の候補個体(図面には黒丸で表されている。)との関係を表している。尚、図中、矢印と共に示されている数字は、上記した方法(a)又は(b)によって求められた個体間距離を表している。

始めに、上記ステップ1の処理に従って、ある候補個体 X_i と、他の候補個体との個体間距離を全て求め、その最小値を d_{i1} とする。図9(a)では、 $d_{i1}=15$ である。

次に、上記ステップ2の処理に従って、上記候補個体 X_i と、データ蓄積部11に蓄積された各個体との個体間距離を全て求め、その最小値を d_{i2} とする。図9(b)では、 $d_{i2}=10$ である。

さらに、求めた d_{i1} と d_{i2} のうち、小さい方を求め、それを d_i とする。図9では、 $d_{i1}=10$ 、 $d_{i2}=15$ なので、 $d_i=10$ となる。

上記のようにして得られた d_i が所定の条件式を満たすかどうか判断し、所定の条件式を満たす場合には、その候補個体 X_i を次世代の個体として残し、満たさない場合には、その候補個体 X_i を候補個体から外す。

具体的には、例えば、条件式を $5 < d_i < 15$ とした場合、候補個体 X_i は、次世代の候補個体として残ることになる。

【0020】

上記したように構成された進化型計算部1及び進化効率化部10における進化型計算処理の流れを図10のフローチャートを使って説明すると次のようになる。

始めに初期個体作成部 1 において遺伝子型個体集合を作成する（ステップ 4 - 1）。

次に、評価値取得部 2 において、遺伝子型個体集合内の 1 つの遺伝子型個体を表現型に変換し、その個体に対する評価値を取得する（ステップ 4 - 2）。

そして、個体と個体に与えられた評価値のデータをデータ蓄積部 1 1 に記憶させる（ステップ 4 - 3）。

集合内の全ての個体に対する評価値が得られたかどうかの判断を行い（ステップ 4 - 4）、全ての個体に対する評価値が得られていなければ、ステップ 2 及び 3 の処理を繰り返し、全ての個体に対する評価値が得られた場合には、次世代個体作成部 4 で次世代の個体の候補となる候補個体を遺伝子演算等により作成する（ステップ 4 - 5）。

そして、個体集合操作部 1 3 において、個体間距離算出部 1 2 で算出した個体間距離情報に基いて、前記次世代個体作成部 4 で作成された候補個体の集合の中から次世代の個体の選択を行い、次世代の個体集合を作成する（ステップ 4 - 6）。

【 0 0 2 1 】

最後に、上記した二つの進化効率化方法を組み合わせて、自動二輪車のスロットル特性を変化させることができる制御装置に適用した実施例を説明する。

図 1 1 は、エンジン 4 0 と、本発明に係る進化効率化方法を適用した制御装置 4 1 との関係を示す概略図である。

エンジン 4 0 は、使用者のアクセル操作量に基づいて制御装置 4 1 を介して制御される電子スロットルを備えており、制御装置 4 1 は、使用者の好みに合ったスロットル特性が得られるように構成されている。

図面に示すように、制御装置 4 1 は、使用者のアクセル操作量を入力し、この入力情報に基づいて電子スロットル弁開度を決定する。

【 0 0 2 2 】（制御装置 4 1 の説明）

図 1 2 は、前記制御装置 4 1 の概略ブロック図である。

図面に示すように、この制御装置 4 1 は、

アクセル操作量に基づいて電子スロットル弁開度を決定する電子スロットル制

御モジュール 4 2 と、

使用者の好みにあったスロットル特性が得られるように、該エンジンを搭載した車両を実際に使用しながら、使用者の評価に基づいて前記電子スロットル制御モジュールの制御パラメータを最適化する最適化装置 4 3 とを備えている。

【 0 0 2 3 】（電子スロットル制御モジュールの説明）

前記電子スロットル制御モジュールは、図 1 3 に示すように、使用者のアクセル操作量に基づいて電子スロットル弁の開度を決定するように構成されており、大きく分けて静特性変更部と動特性変更部とがある。尚、本明細書における「アクセル操作量」とは、使用者が実際にアクセル（図示せず）を操作した結果、得られる情報であり、「アクセル開度」の情報及び「アクセルの変化量」の情報の両方を含む。

ここで、電子スロットル弁の特性について簡単に説明すると、電子スロットル弁は静特性と動特性の二つの特性を持つ。

前者は、アクセル開度と電子スロットル弁開度との関係から生じる特性であり、車両の定常走行特性に影響する。図 1 4 は、幾つかのスロットルの静特性の例を示す図である。このように静特性を変えることにより、

- ・アクセル開度が小さい間は、電子スロットル弁が比較的大きく開き、一定のアクセル開度以上は、アクセル開度が大きくなるにつれて電子スロットル弁が徐々に全開に収束していく低開度急加速型（図 1 4（a）参照）、

- ・アクセル開度が小さい間は電子スロットル弁が徐々に開き、アクセル角度が大きくなると急激に全開まで開く高開度急加速型（図 1 4（b）参照）、又は

- ・アクセル開度と電子スロットル弁開度が比例している比例型（図 1 4（c）参照）等、設定に応じて同じアクセル開度で様々な電子スロットル弁開度を得ることができるようになる。この静特性は、アクセル開度の増大につれて電子スロットル弁開度が増大又は不変であればよく、様々な関数で表すことができるようになる。尚、本実施例では、アクセル開度 0 ～ 2 0 % 時のスロットル弁開度率 S P 1 と、アクセル開度 2 0 ～ 1 0 0 % 時のスロットル弁開度率 S P 2 とを最適化することにより静特性の最適化を行う。

また、電子スロットル弁の特性の后者、即ち、動特性は、アクセルの変化速度

に対する電子スロットル弁の変化速度から生じる特性であり、車両の過渡特性に影響する。この特性は具体的には一次遅れと不完全微分を組み合わせることにより、アクセルの変化速度に対する電子スロットル弁の変化速度を変えられるように構成され得る。このように一次遅れと不完全微分を組合せることにより、図 1 5 に示すように、

- ・アクセル操作に対して比較的ゆっくりと電子スロットル弁が開くレスポンスの低いタイプ（図 1 5（a）参照）、

- ・アクセル操作に対して若干のスパイクは生じるが機敏に変化して電子スロットル弁が開くレスポンスの高いタイプ（図 1 5（b）参照）、又は

- ・両者の中間程度のタイプ（図 1 5（c）参照）等、

様々な動特性が得られるようになる。尚、本実施例では、一次遅れ時定数 DR と、加速補正係数 AG とを最適化することにより動特性の最適化を行う。

【0024】（最適化装置の説明）

最適化装置 4 3 は、電子スロットル制御モジュール 4 2 における前記制御パラメータ（スロットルバルブ開度率 $SP1$ 及び $SP2$ 、一時遅れ時定数 DR 、並びに加速補正係数 AG ）を、図 1 6 に示すように遺伝子型個体としてコーディングし、これらの制御パラメータの最適化を行う。

図 1 7 は、最適化装置 4 3 の概略ブロック図を示している。

図 1 7 に示すように、この最適化装置 4 3 は、進化型計算部 4 4 と進化効率化部 4 5 とを備えている。

進化型計算部 4 4 は、初期個体作成部 4 6、評価値取得部 4 7、及び次世代個体作成部 4 8 を備え、進化効率化部 4 5 は、探索領域初期値設定部 4 9、データ蓄積部 5 0、探索領域変更部 5 1、個体間距離算出部 5 2 及び個体集合操作部 5 3 を備えている。

【0025】

以下に、図 1 8 のフローチャートを参照しながら、上記したように構成された最適化装置 4 3 における処理の流れについて説明していく。

始めに、探索領域初期値設定部 4 9 において個体の探索領域の位置と大きさの初期値（初期探索領域）を決定する（ステップ 1 8 - 1）。

次いで、初期個体作成部46において、初期探索領域の範囲内で遺伝子型の個体集合の作成を行う（ステップ18-2）。

遺伝子型の個体集合が作成されると、評価値取得部47において、個体集合の1遺伝子型個体を表現型に変換し、この個体に対する評価値の獲得を行う（ステップ18-3）。図19は、評価値取得部47における評価値の取得方法の一例の流れを示す図である。この図面に示すように、評価値取得部47は、遺伝子型個体を型変換部54で表現型個体（即ち、スロットル特性の4個のパラメータ値）に変換し、その表現型個体を電子スロットル制御モジュール42に実際に適用する。使用者は、表現型個体が適用された車両に乗車し、スロットル操作を行うと同時に車両の乗り心地を体感し、その乗り心地を100点満点で評価する。評価値は車両に入力装置を取り付けて行うように構成され得る。

評価値を獲得した後、その個体とそれに対する評価値のデータをデータ蓄積部50に蓄積させる（ステップ18-4）。

上記したステップ18-3及びステップ18-4は、個体集合内の全ての個体に対して行われ、全ての個体に対する評価値が獲得されたと判断すると（ステップ18-5）、探索領域変更部51で、データ蓄積部50に蓄積されたデータに基づいて次世代の探索領域の位置と大きさを変更する（ステップ18-6）。探索領域の位置の変更には上記方法（c）又は（d）を用いることができ、また、探索領域の大きさの変更には、上記方法（e）～（h）の何れかを用いることができる。ここで、例えば、探索領域の大きさの変更に上記方法（e-1）を用いる場合、予め記憶させられた図20（a）又は（b）に示すようなデータを用いることができる。図20（a）は、現在の探索領域の大きさに関係なく次世代の探索領域の大きさを決める時に用いられるデータの一例であり、図20（b）は、現在の探索領域の大きさを基準として次世代の探索領域の大きさを決めるときに用いられるデータの一例である。

探索領域変更部51で、次世代の探索領域の位置及び大きさが決められると、次世代個体作成部48において決められた探索領域の範囲内で次世代の個体の候補となる候補個体集合の作成を行う（ステップ18-7）。ここで、次世代の候補個体の集合は、遺伝子演算を用いて行っても良いが、探索領域が決められてい

るので、図 2 1 に示すように探索領域の範囲内で一定間隔で網羅的に次世代の候補個体の作成を行ってもよい。

次いで、個体間距離算出部 5 2 で個体間距離情報の算出を行い、その情報に基づいて、個体集合操作部 5 3 で、次世代の候補個体集合の中から次世代の個体を選択し、次世代の個体集合を作成する（ステップ 1 8 - 8）。

個体間距離情報の算出には、上記方法（a）又は（b）を用いることができる。

尚、個体集合操作部 5 3 は、各候補個体についての評価値を予測し、その予測情報と、前記個体間距離情報との両方を用いて個体の選択を行ってもよい。

図 2 2 は、個体集合操作部における個体間距離及び予測評価値を用いた次世代個体の選択処理の流れを示すフローチャートであり、図 2 3 は、この選択処理を概念的に示す図である。以下に、これら図 2 2 及び 2 3 を用いて、個体集合操作部 5 3 における処理の具体的な例を説明する。

まず、図 2 3（a）に示すように、個体集合内の各候補個体についてデータ蓄積部 5 0 内の各個体との個体間距離を求め、その中の最小値を求め（ステップ 2 2 - 1）、各候補個体についての予測評価値を取得する（ステップ 2 2 - 2）。さらに、現世代のエリート個体を次世代個体の 1 個目として選択する（ステップ 2 2 - 3）：図 2 3（a）における実施例では、黒丸で表されている個体）。

そして、図 2 3（b）に示すように、前記予測評価値が最も高い個体を次世代個体の 2 個目として選択する（ステップ 2 3 - 4：図 2 3（b）における実施例では予測評価値が 7 0 点の個体）。

さらに、図 2 3（c）に示すように、各候補個体について、既に次世代の個体として決定している個体（図 2 3（c）における実施例で黒丸で表されている個体）との距離を求め、その距離が最小のものを求める（ステップ 2 2 - 5）。

各候補個体について、ステップ（2 2 - 1）及びステップ（2 2 - 5）の処理で求めた距離のうちの小さい方と、その候補個体に与えられた予測評価値との積を求め（ステップ 2 2 - 6）、ここで求めた値が最大の個体を次世代の個体として選択する（ステップ 2 2 - 7）。

次世代個体が 1 世代個数分得られるまで（ステップ 2 2 - 8）ステップ 2 2 -

5～ステップ22-7の操作を繰り返し行う。

【0026】

上記したステップ18-3～ステップ18-8の操作が繰り返し行われ、これにより、最終的に使用者の好みのスロットル特性を得ることができるようになる。

また、上記したように、探索領域の位置や大きさを変更したり、一度作成した候補個体の中から個体間距離情報に基いて次世代の個体を選択して次世代の個体群を作成するようにすることで、個体の多様性を保ちながらランダム性を抑えることができるようになるので、個体の進化を効率化することができるようになるという効果を奏する。

【0027】

尚、上記した実施例では、車両のスロットル特性の制御に本発明に係る進化効率化方法を適用した例を挙げて説明しているが、本発明に係る進化効率化方法は、進化型計算によってパラメータを最適化している制御対象であれば、どのような制御対象にも適用することができ、例えば、自転車に電動補助動力装置を取り付けた場合の補助動力の量の最適化を行う装置や、制御対象を備えたロボットが頭部・脚部・腕部などロボット自身が持つ構成要素を変更する時に動作を最適化するための装置等に適用することができる。

【0028】

【発明の効果】

以上説明したように、本発明に係る進化型計算を用いた最適化方法における進化効率化方法は、複数の個体からなる個体群で一つの世代を形成し、少なくとも、その世代の個体を使って演算を行うことにより、次世代の個体群を作成する操作を繰り返すことにより適応度の高い個体を得る進化型計算を用いた最適化方法において、任意の個体間の解空間上における距離を算出し、この個体間距離情報に基づいて次世代の個体群の解空間上における位置を制限するので、個体の多様性を失わせることなく個体のランダム性を抑えることができるので、進化を効率よくおこなうことができるようになるという効果を奏する。

【図面の簡単な説明】

【図 1】 本発明に係る進化効率化方法と組合せ可能な別の進化効率化方法を適用した最適化装置の概略ブロック図である。

【図 2】 探索領域変更部 3 3 における処理の流れを示すフローチャートである。

【図 3】 探索領域の大きさの変更方法の具体例を示す図であり、A は現世代の探索領域の大きさを基準に次世代の探索領域の大きさを決める例を示し、B は、現世代の探索領域の大きさに関係なく次世代の探索領域の大きさを決める例を示している。

【図 4】 探索領域の大きさの変更方法の別の具体例を示す図であり、A は現世代の探索領域の大きさを基準に次世代の探索領域の大きさを決める例を示し、B は、現世代の探索領域の大きさに関係なく次世代の探索領域の大きさを決める例を示している。

【図 5】 探索領域の大きさの変更方法のさらに別の具体例を示す図であり、A は現世代の探索領域の大きさを基準に次世代の探索領域の大きさを決める例を示し、B は、現世代の探索領域の大きさに関係なく次世代の探索領域の大きさを決める例を示している。

【図 6】 進化型計算部 2 0 及び進化効率化部 3 0 における進化型計算処理の流れを表すフローチャートである。

【図 7】 本発明に係る進化効率化方法を適用した最適化装置の概略ブロック図である。

【図 8】 個体間距離に基く次世代個体の選択方法の処理の流れを示すフローチャートである。

【図 9】 (a) 及び (b) は、共にデータ蓄積部 1 1 に蓄積された個体と、次世代個体作成部 4 において作成された次世代の候補個体との関係を表す図である。

【図 1 0】 進化型計算部 1 及び進化効率化部 1 0 における進化型計算処理の流れを示すフローチャートである。

【図 1 1】 エンジン 4 0 と、本発明に係る進化効率化方法を適用した制御装置 4 1 との関係を示す概略図である。

- 【図 1 2】 制御装置 4 1 の概略ブロック図である。
- 【図 1 3】 電子スロットル制御モジュールの概略ブロック図である。
- 【図 1 4】 幾つかのスロットルの静特性の例を示す図である。
- 【図 1 5】 幾つかのスロットルの動特性の例を示す図である。
- 【図 1 6】 遺伝子型個体としてのコーディングの一例を示す図である。
- 【図 1 7】 最適化装置 4 3 の概略ブロック図である。
- 【図 1 8】 最適化装置 4 3 における処理の流れを示すフローチャートである。

【図 1 9】 評価値取得部 4 7 における評価値の取得方法の一例の流れを示す図である。

【図 2 0】 探索領域の大きさの変更に用いられるデータの一例を示す図であり、（a）は現在の探索領域の大きさに関係なく次世代の探索領域の大きさを決める時に用いられるデータの一例であり、（b）は現在の探索領域の大きさを基準として次世代の探索領域の大きさを決めるときに用いられるデータの一例である。

【図 2 1】 次世代の候補個体を探索領域内で網羅的に作成する例を示す図である。

【図 2 2】 個体集合操作部における個体間距離及び予測評価値を用いた次世代個体の選択処理の流れを示すフローチャートである。

【図 2 3】 個体集合操作部における個体間距離及び予測評価値を用いた次世代個体の選択処理の流れを概念的に示す図である。

【符号の説明】

- 1 進化型計算部
- 2 初期個体作成部
- 3 評価値取得部
- 4 次世代個体作成部
- 1 0 進化効率化部
- 1 1 データ蓄積部
- 1 2 個体間距離算出部

1 3 個体集合操作部

(本発明と組合せ可能な別の進化効率化方法の例)

2 0 進化型計算部

2 1 初期個体作成部

2 2 評価値取得部

2 3 次世代個体作成部

3 0 進化効率化部

3 1 探索領域初期値設定部

3 2 データ蓄積部

3 3 探索領域変更部

4 0 エンジン

4 1 制御装置

4 2 電子スロットル制御モジュール

4 3 最適化装置

4 4 進化型計算部

4 5 進化効率化部

4 6 初期個体作成部

4 7 評価値取得部

4 8 次世代個体作成部

4 9 探索領域初期値設定部

5 0 データ蓄積部

5 1 探索領域変更部

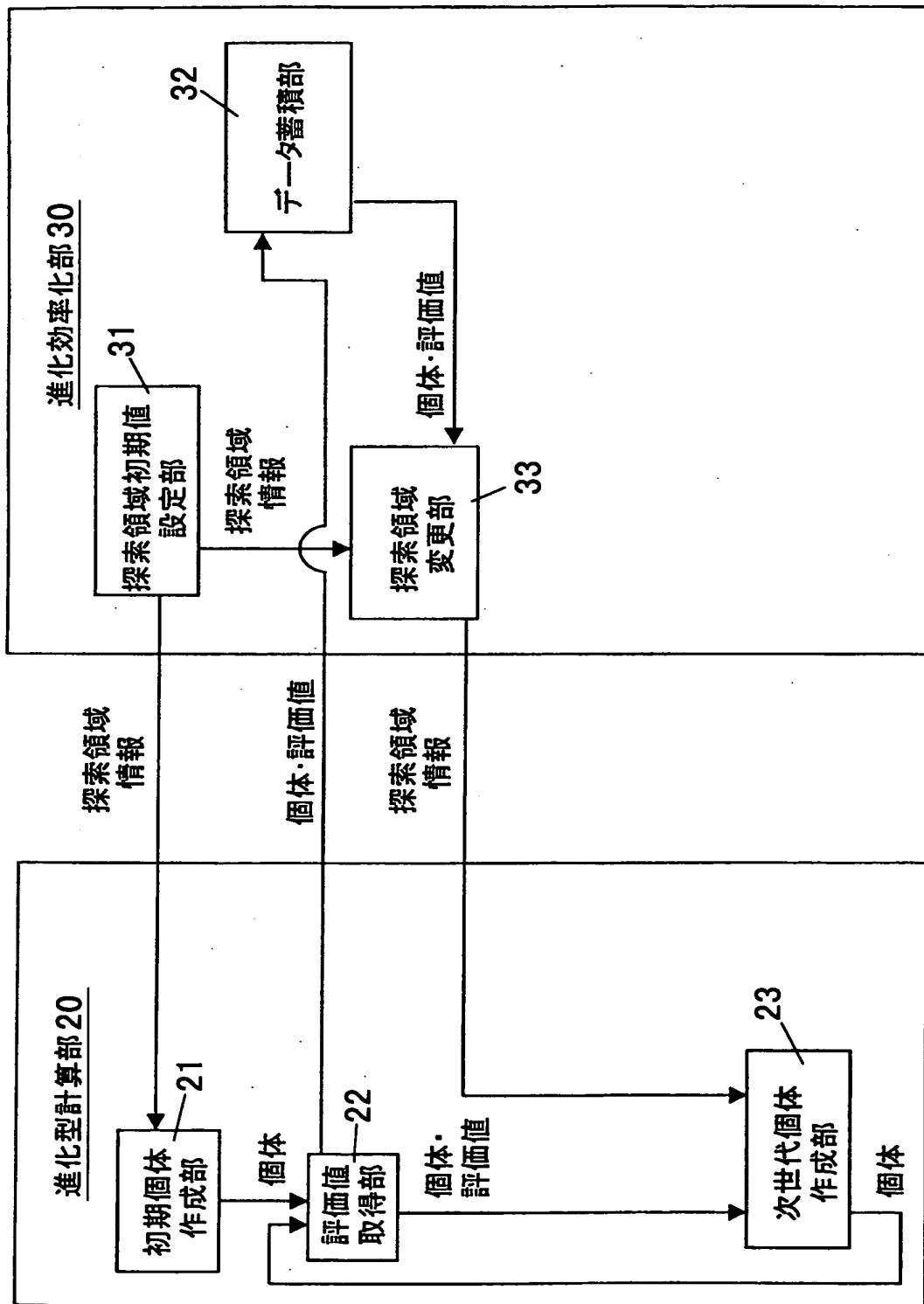
5 2 個体間距離算出部

5 3 個体集合操作部

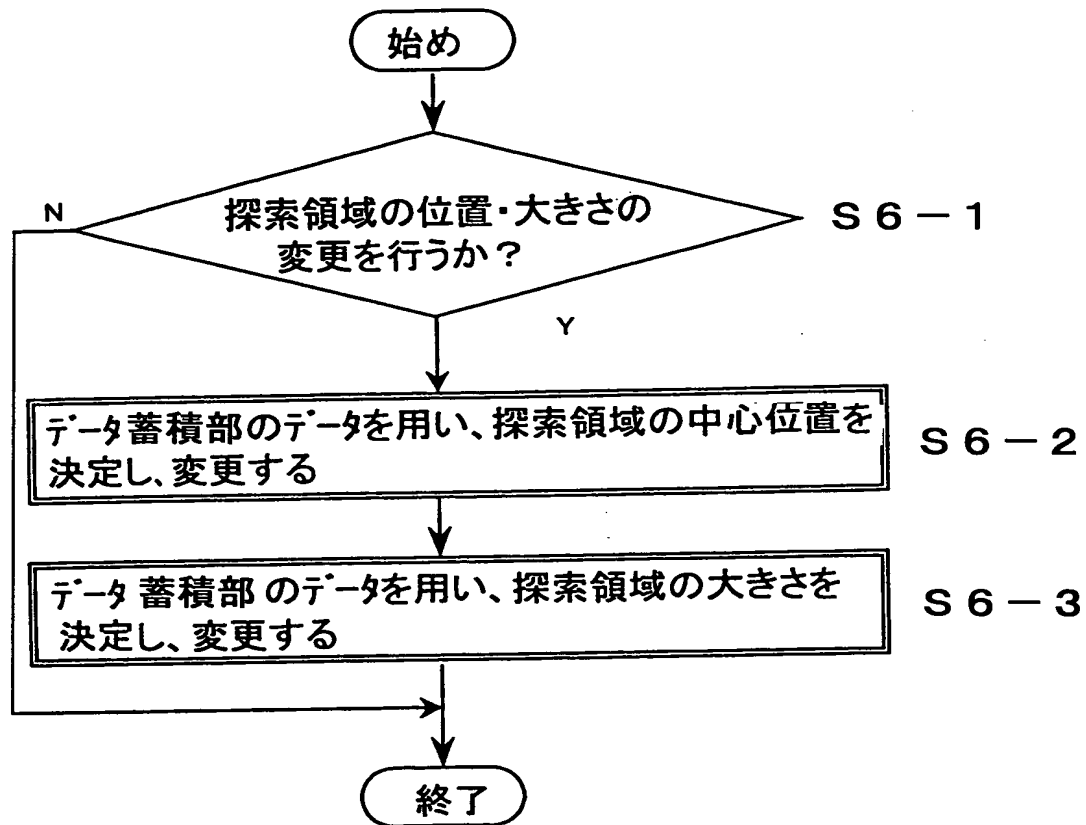
5 4 型変換部

【書類名】 図面

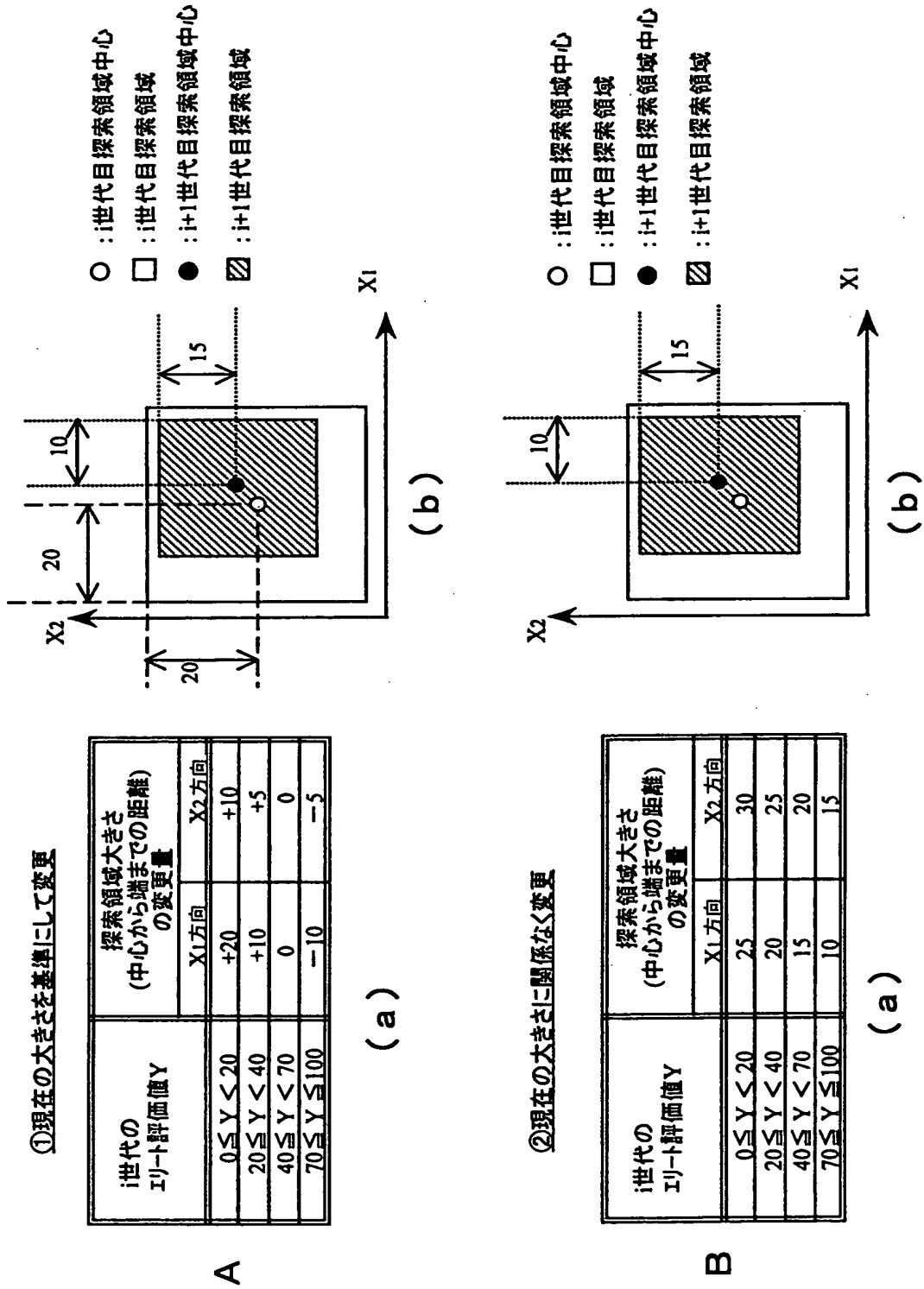
【図1】



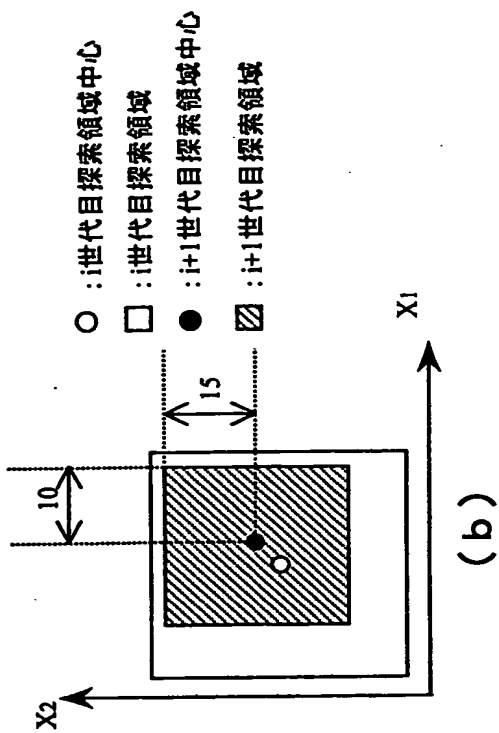
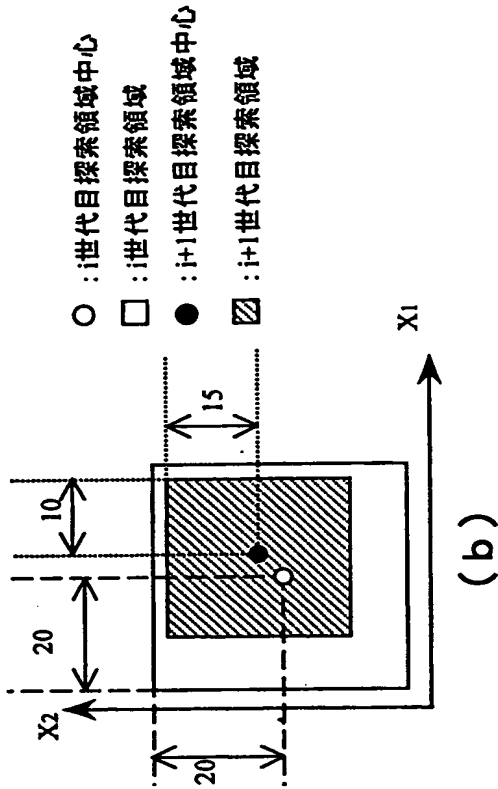
【図 2】



【図 3】



【図 4】



①現在の大きさを基準にして変更

探索領域中心位置 移動距離d	探索領域大きさ (中心から端までの距離) の変更量	
	X1方向	X2方向
$60 \leq d$	+20	+10
$40 \leq d < 60$	+10	+5
$20 \leq d < 40$	0	0
$0 \leq d < 20$	-10	-5

(a)

②現在の大きさに関係なく変更

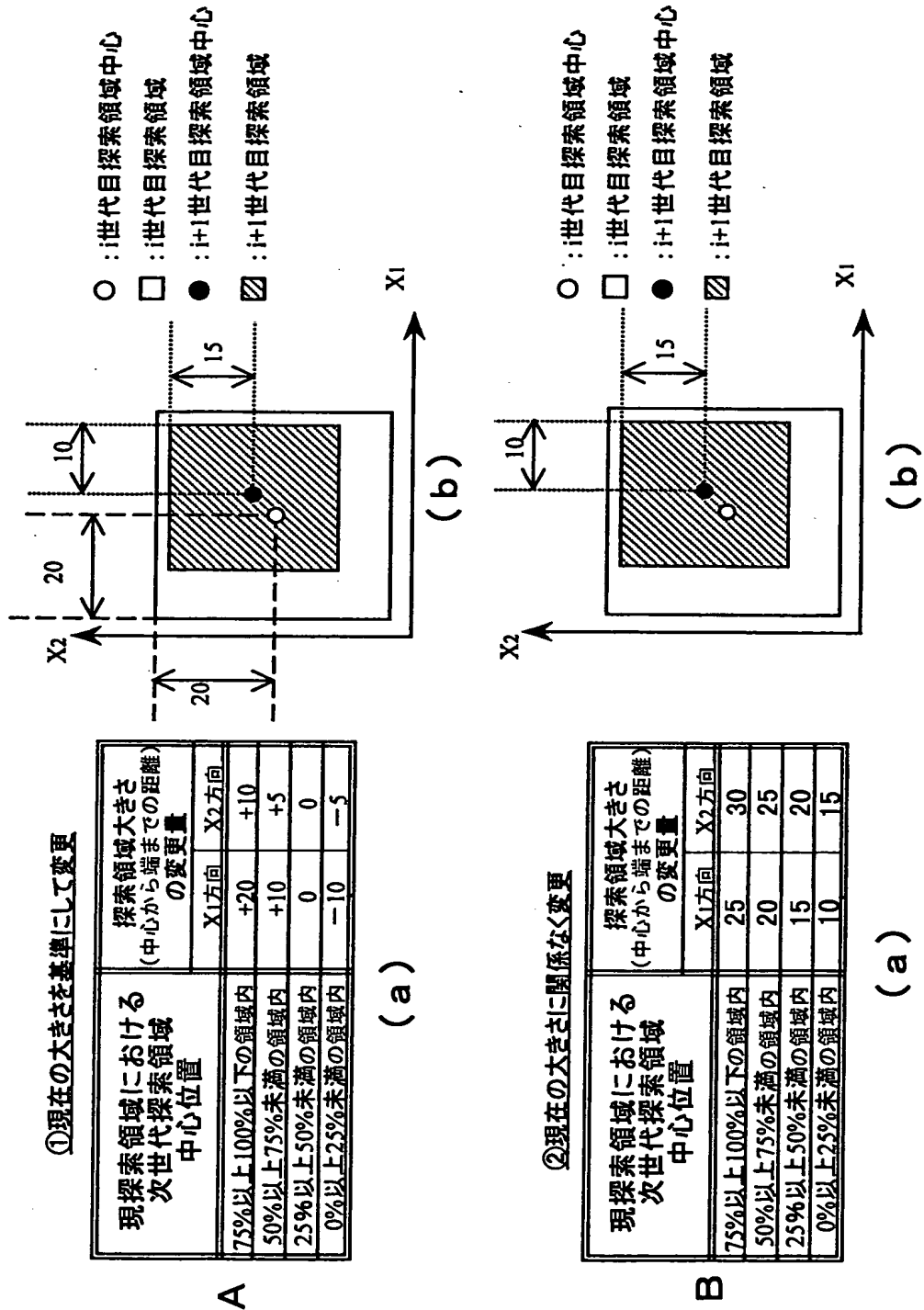
探索領域中心位置 移動距離d	探索領域大きさ (中心から端までの距離) の変更量	
	X1方向	X2方向
$60 \leq d$	25	30
$40 \leq d < 60$	20	25
$20 \leq d < 40$	15	20
$0 \leq d < 20$	10	15

(a)

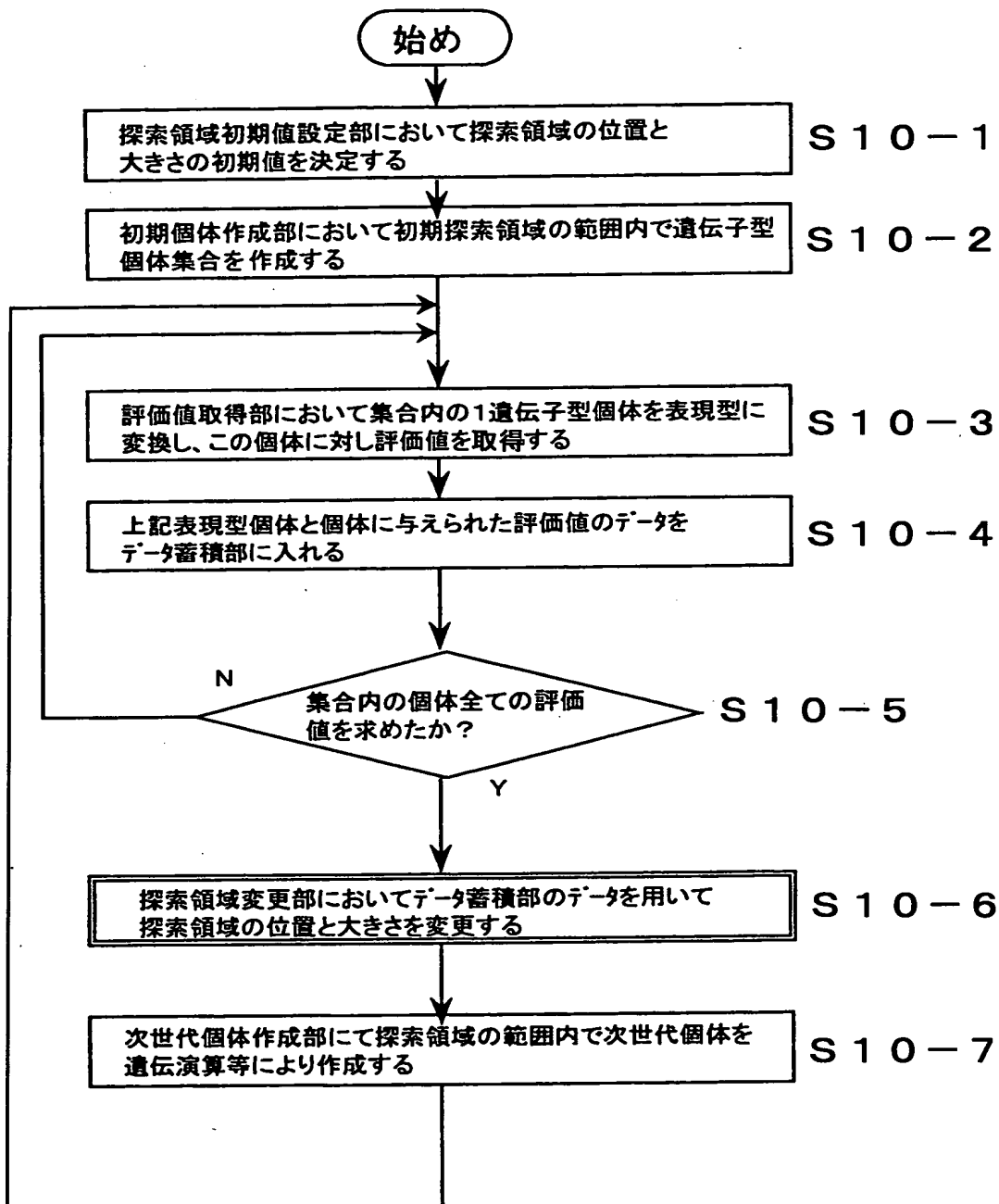
A

B

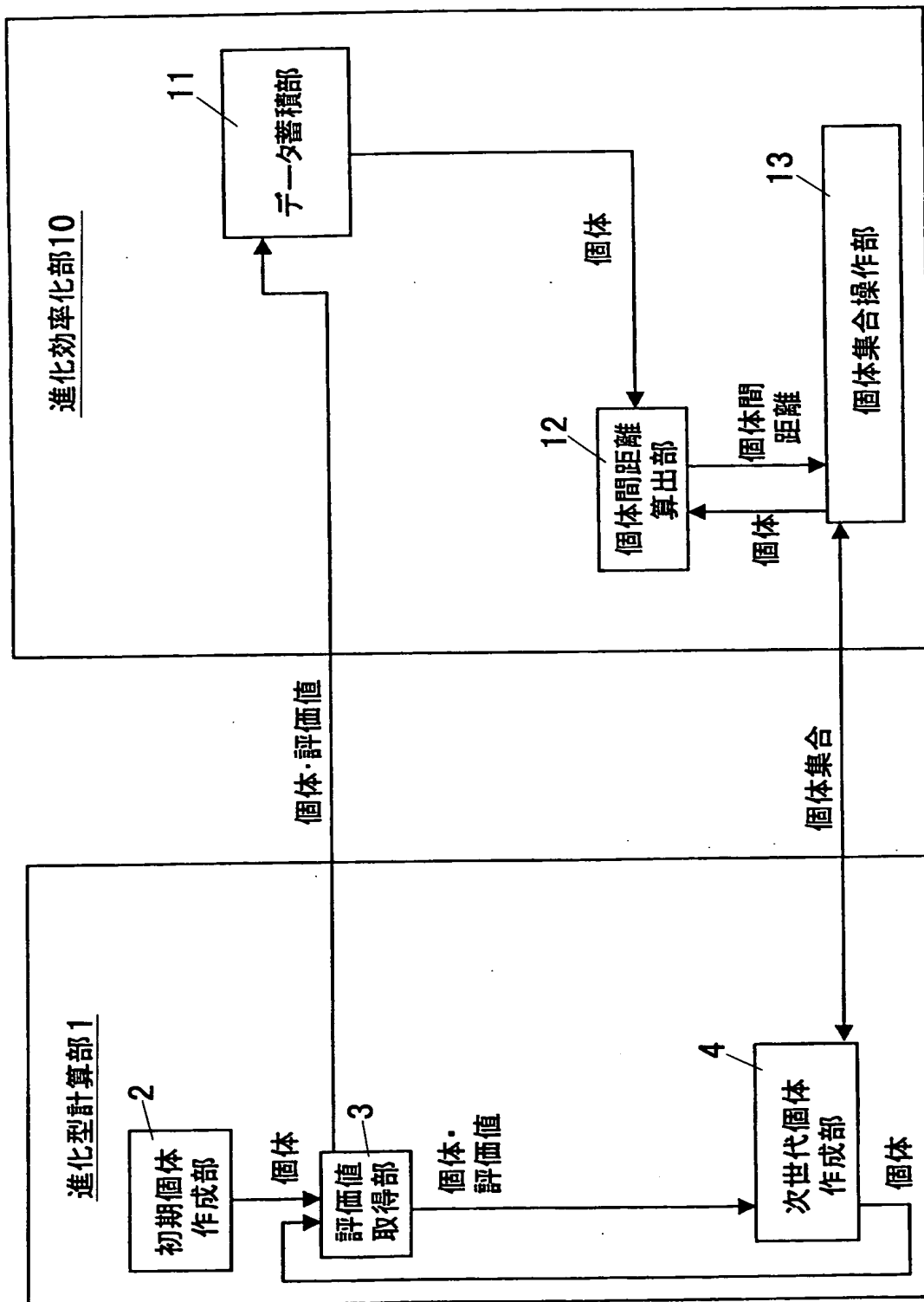
【図 5】



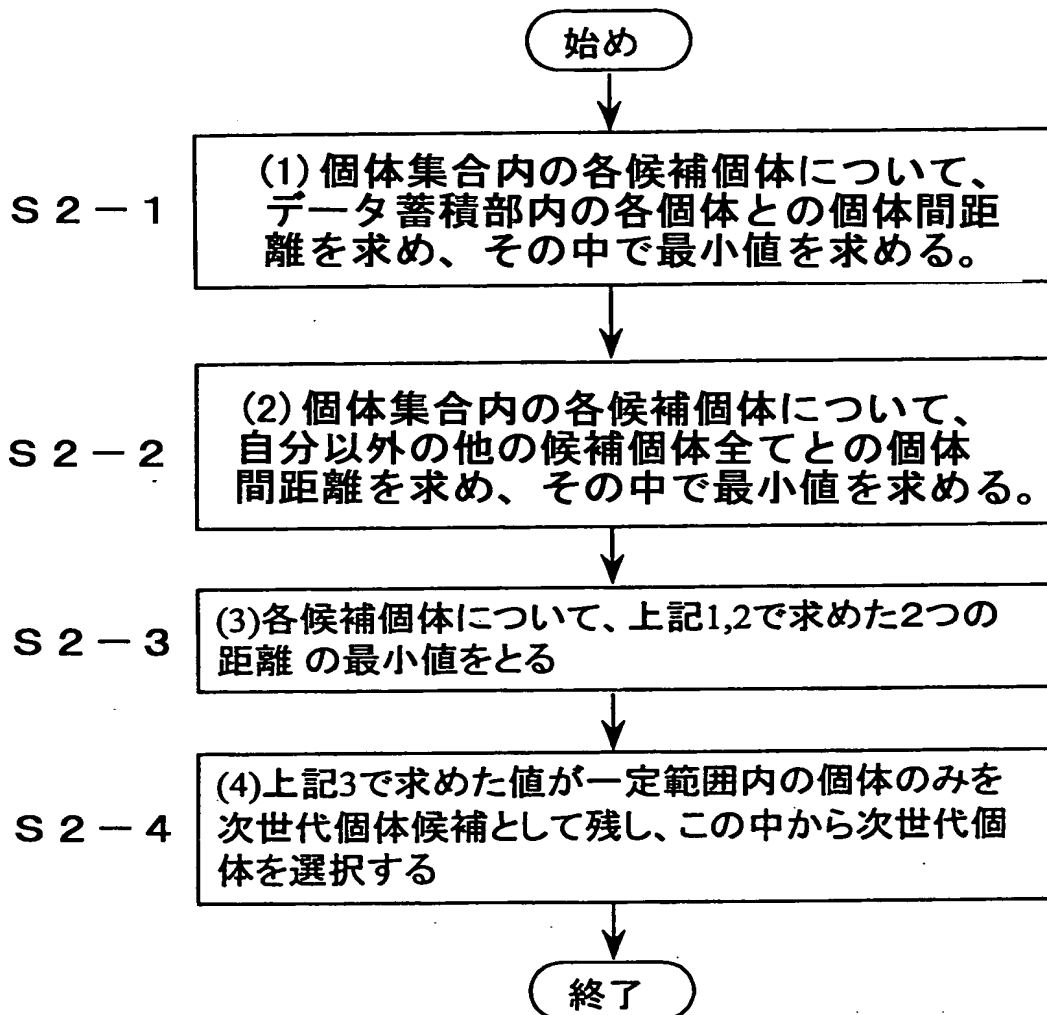
【図 6】



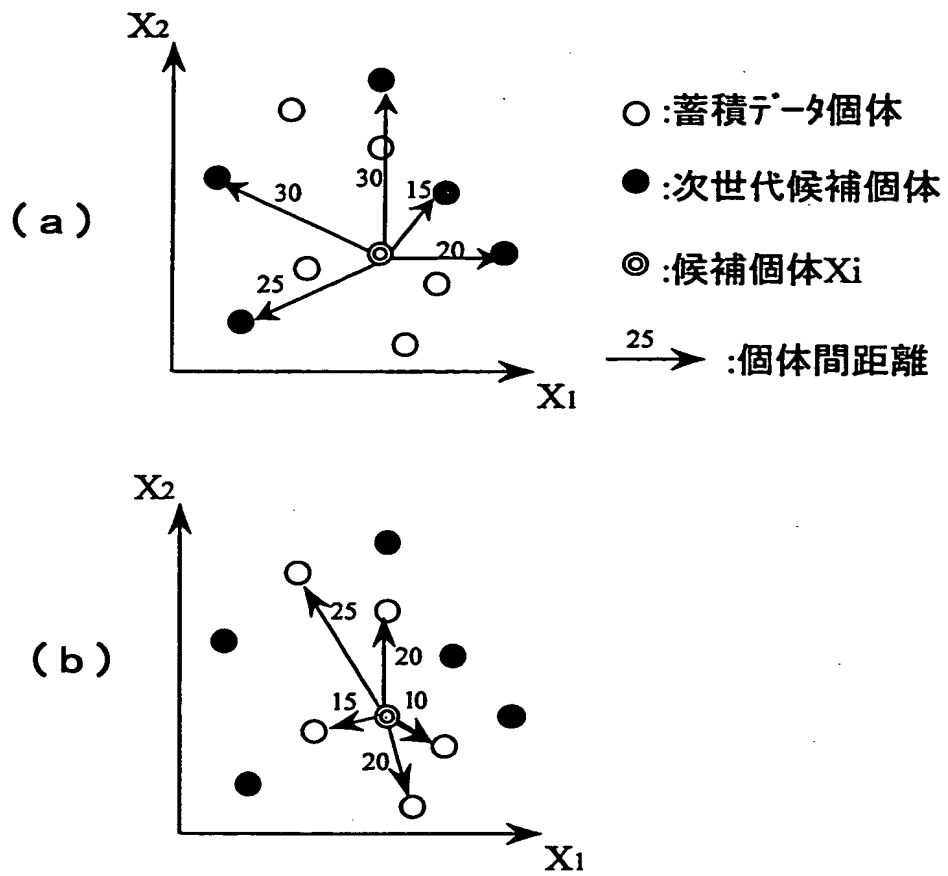
【図 7】



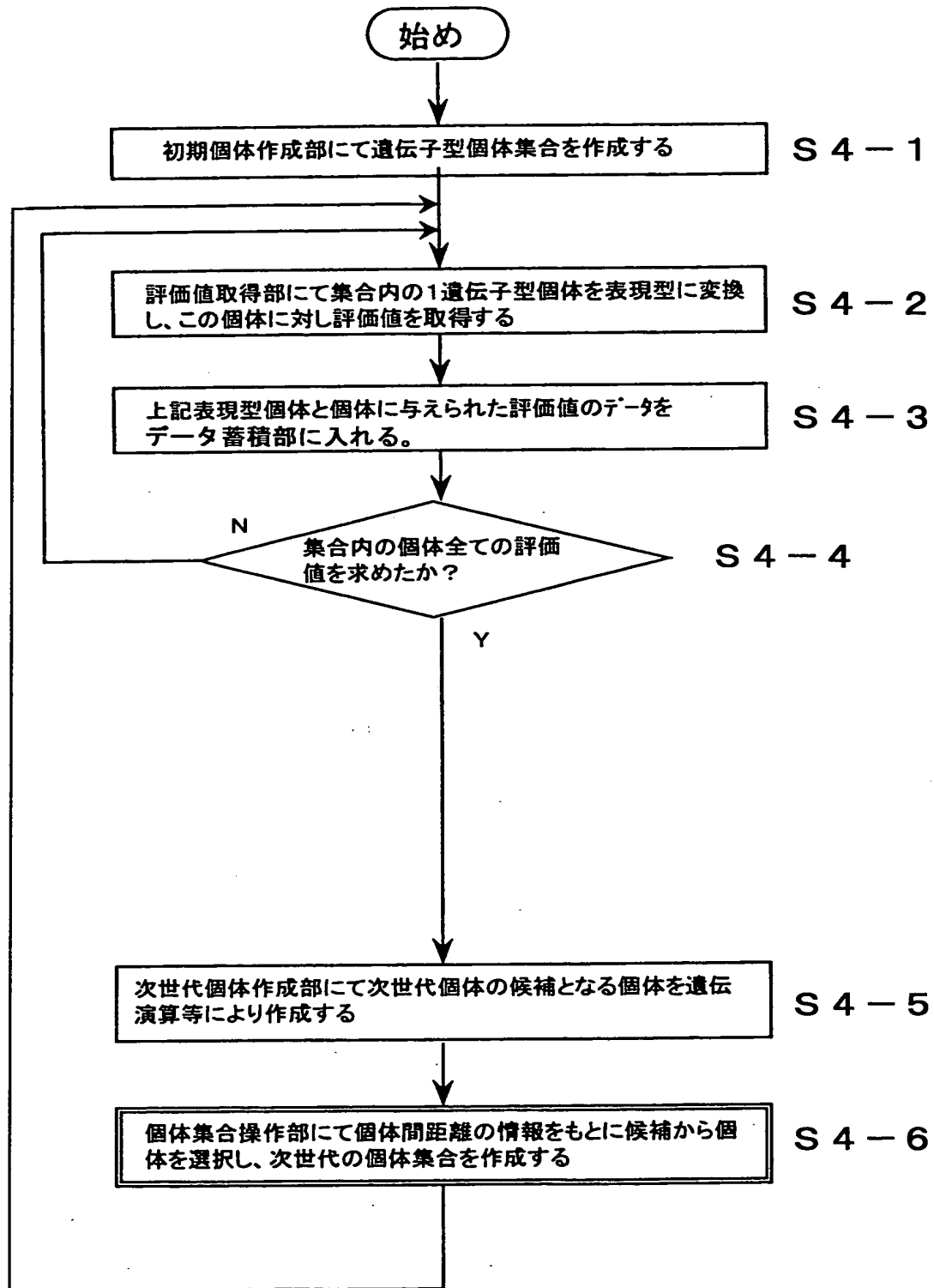
【図 8】



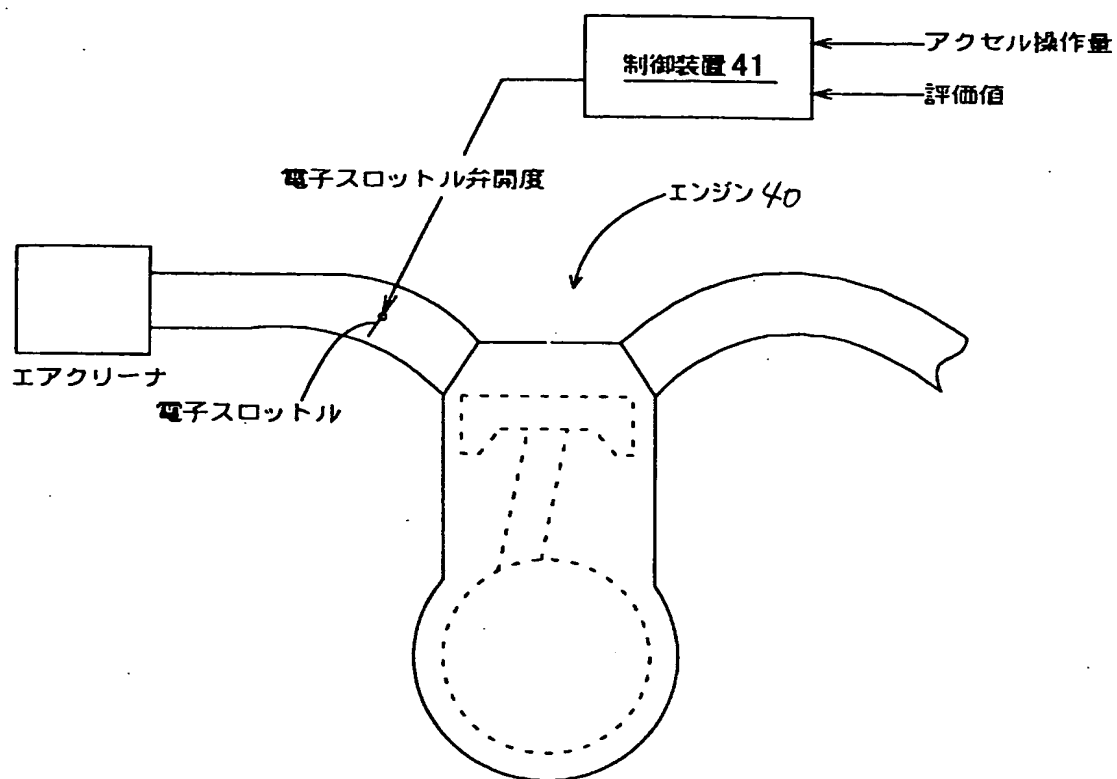
【図 9】



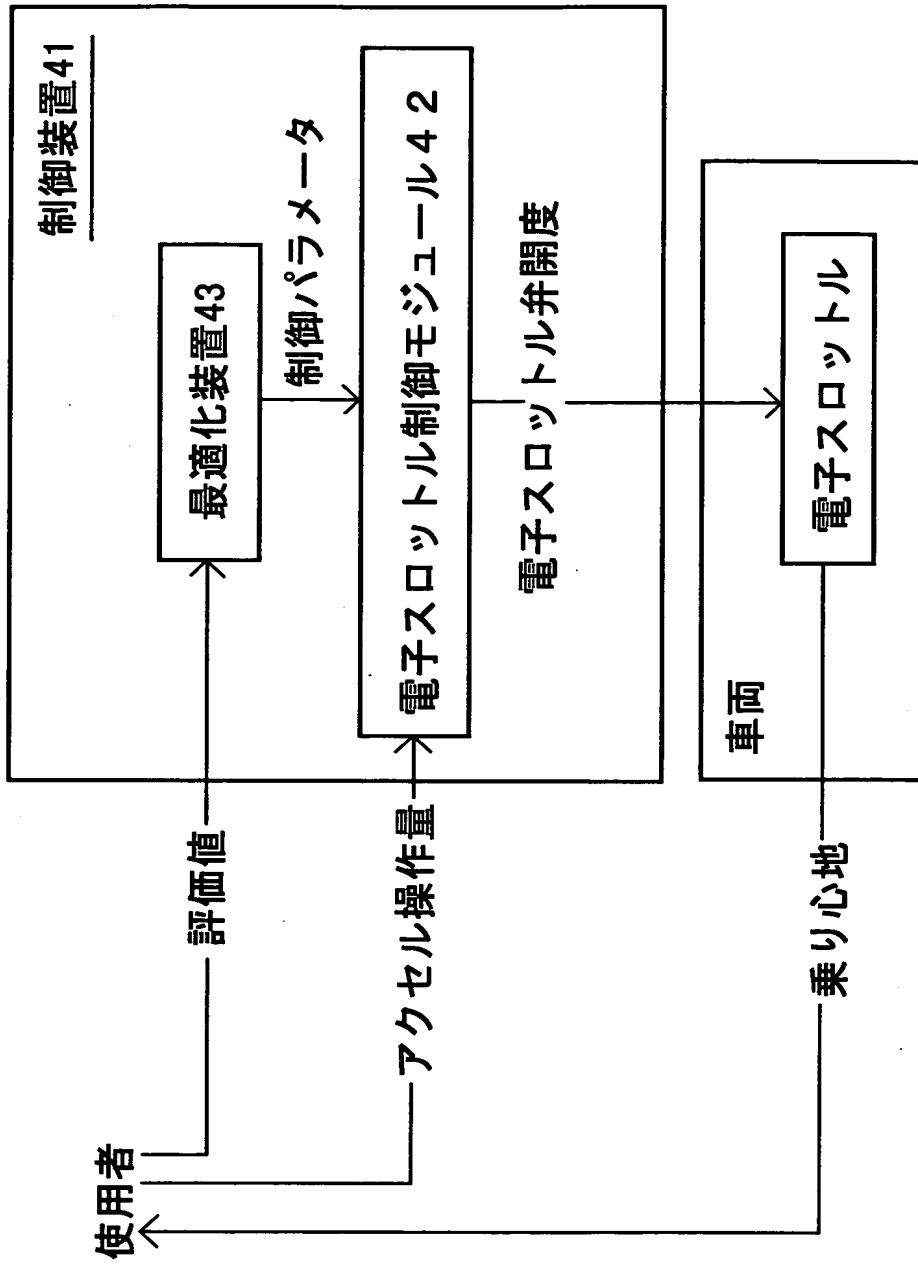
【図 1 0】



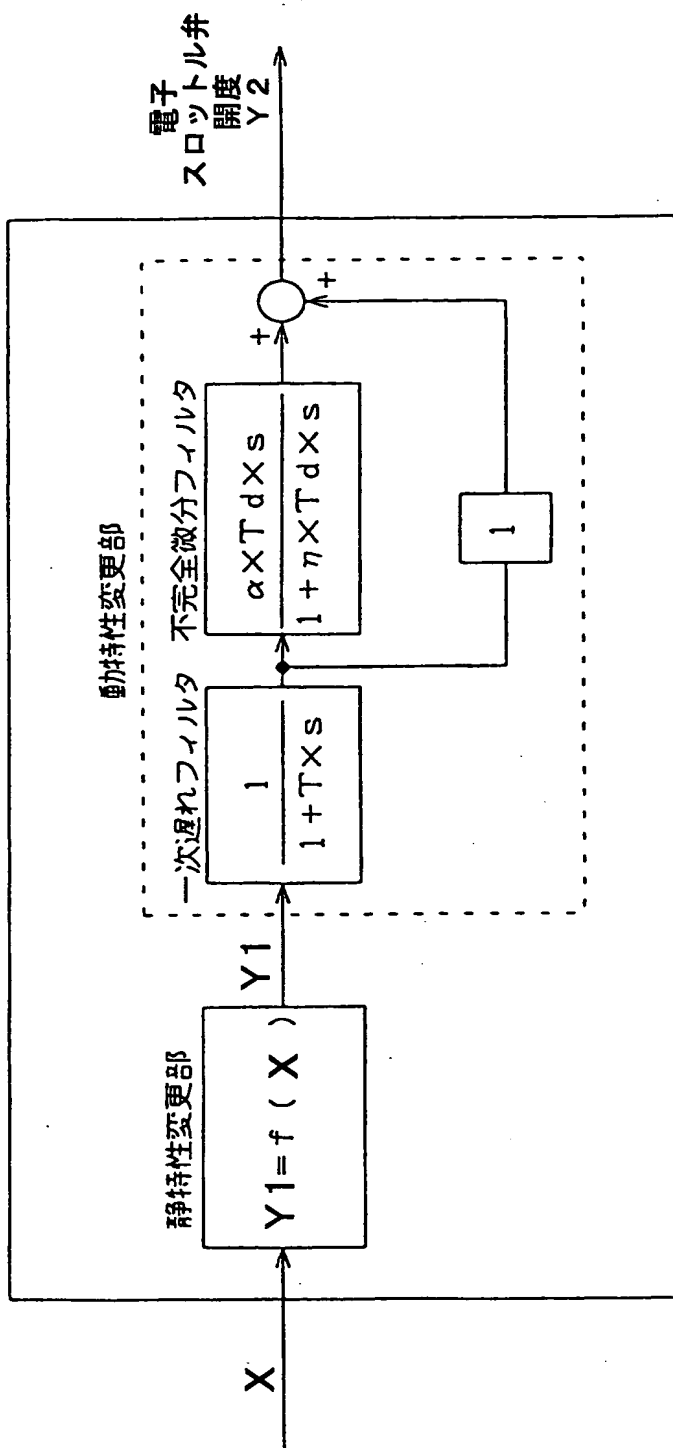
【図 11】



【図 1 2】

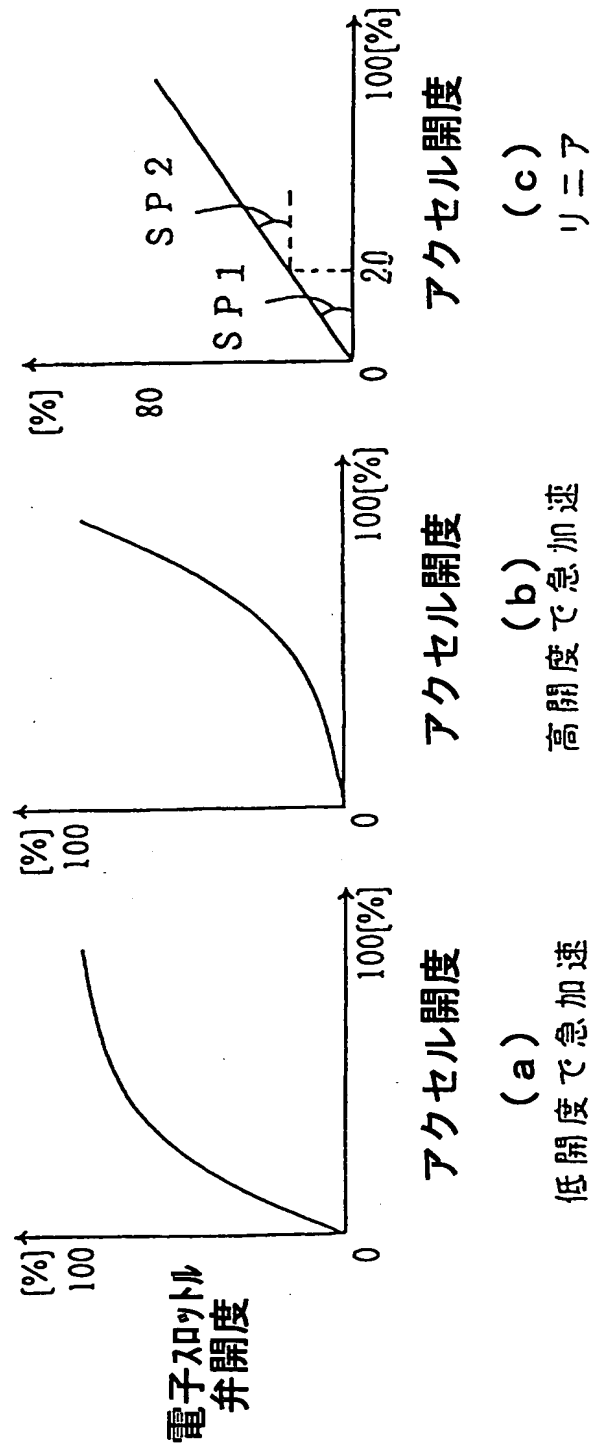


【図 13】

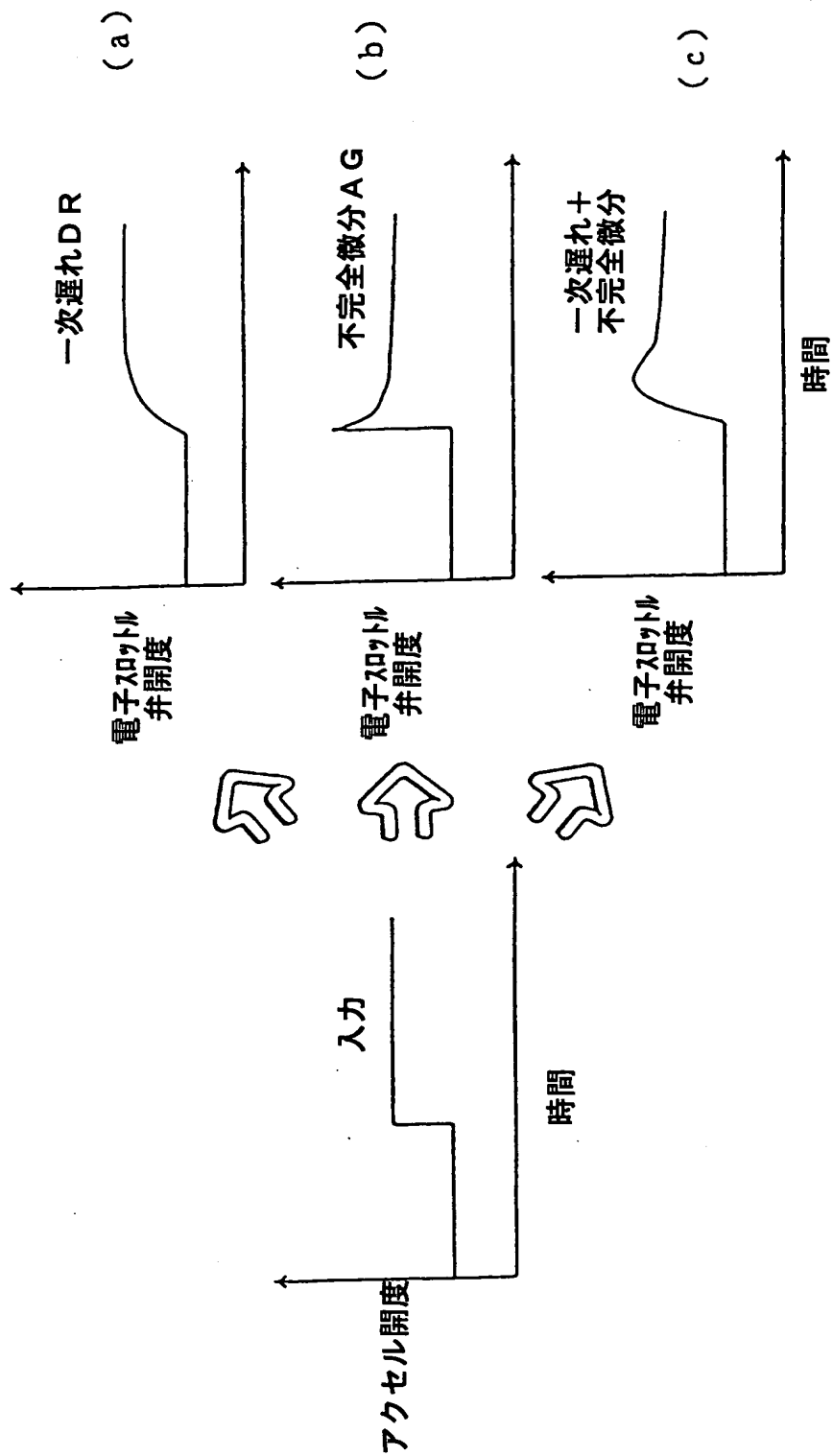


X : アクセル開度
 Y_1 : 仮想電子スロットル開度
 Y_2 : 電子スロットル弁開度
 f : 静特性関数
 T : 一次遅れ時定数 (DR)
 T_d : 微分時間
 α : 加速補正係数 (AG)
 η : 微分ゲイン

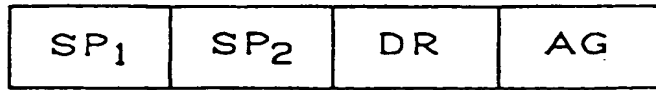
【図 14】



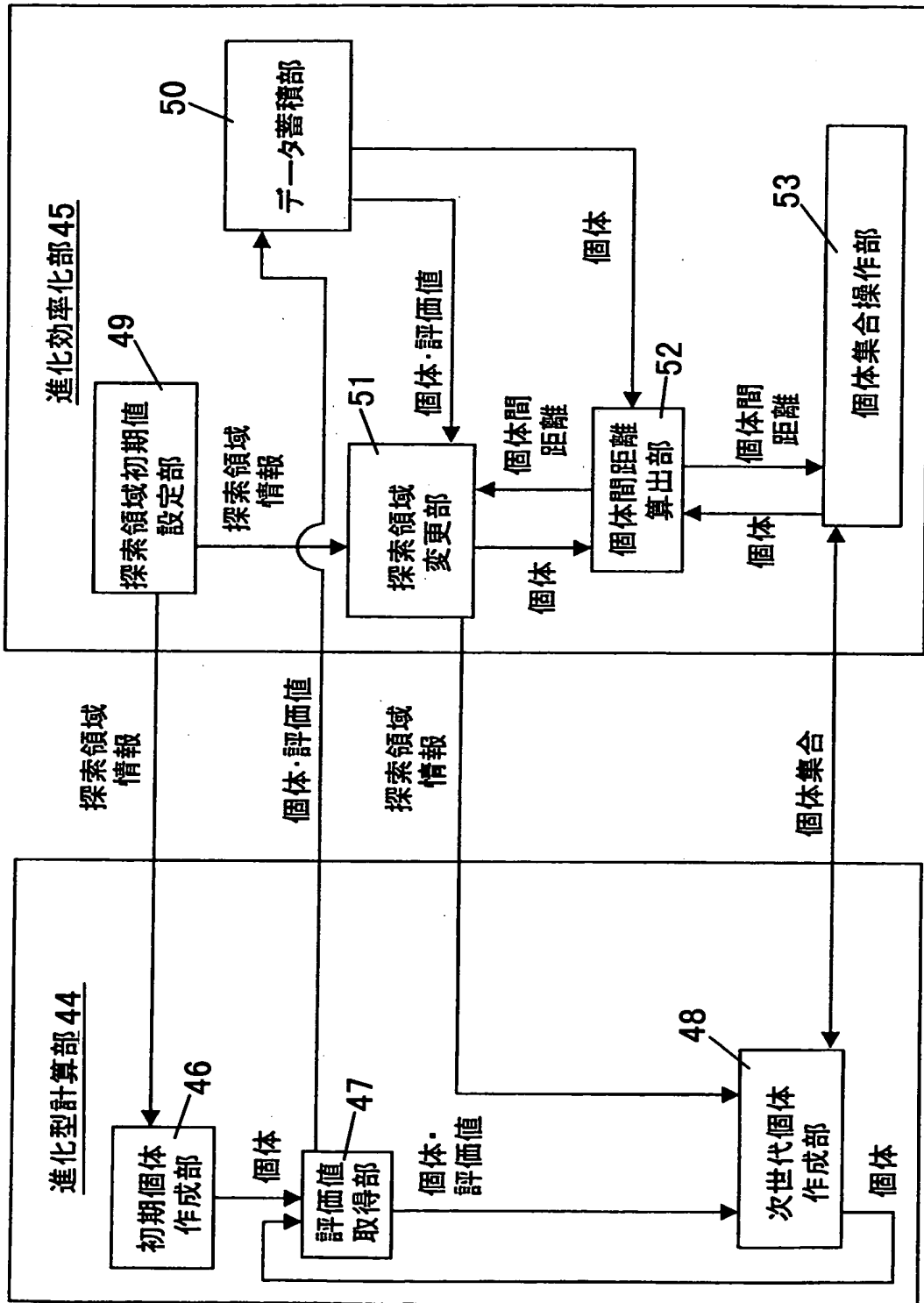
【図 1 5】



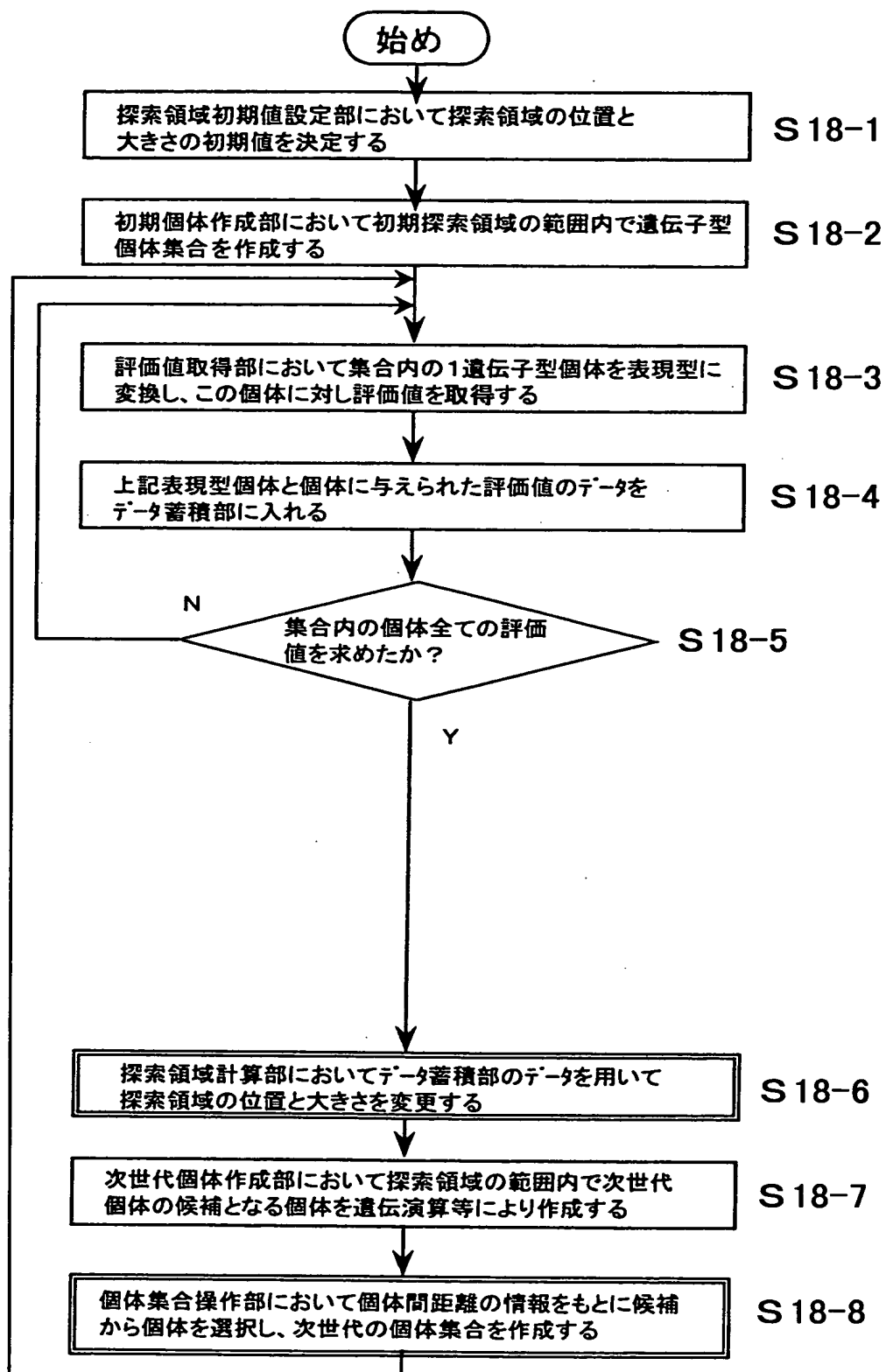
【図16】



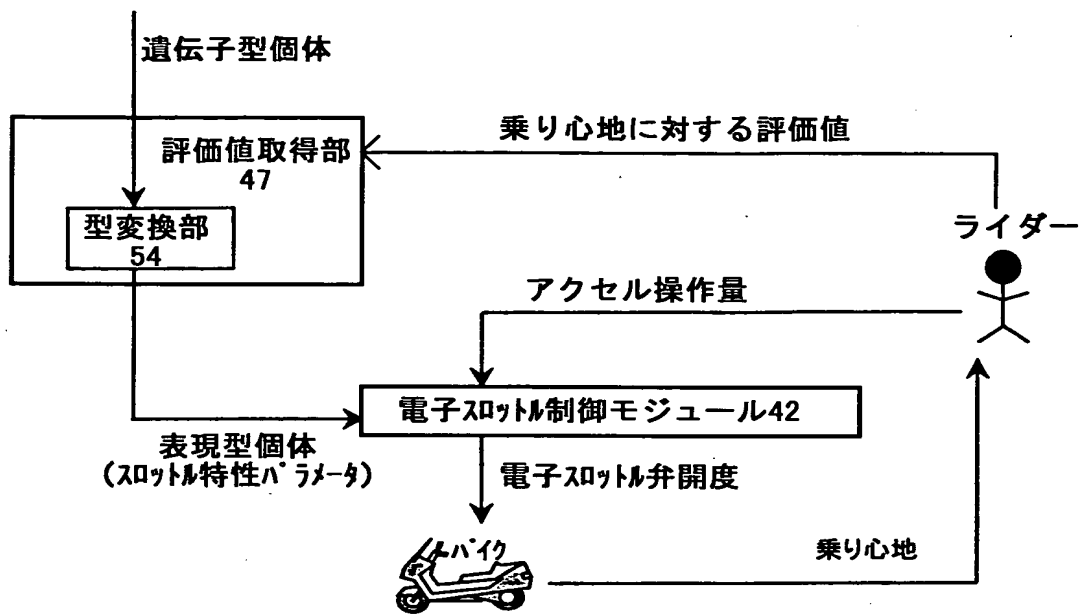
【図 17】



【図 1 8】



【図 1 9】



【図 2 0】

①: エリート評価値により変更
(現探索領域の大きさに関係なく決定)

(a)

エリート評価値Y	次世代探索領域大きさ (中心から端までの距離)			
	SP1	SP2	DR	AG
$0 \leq Y < 50$	25	25	30	30
$50 \leq Y < 70$	20	20	25	25
$70 \leq Y < 90$	15	15	20	20
$90 \leq Y \leq 100$	10	10	15	15

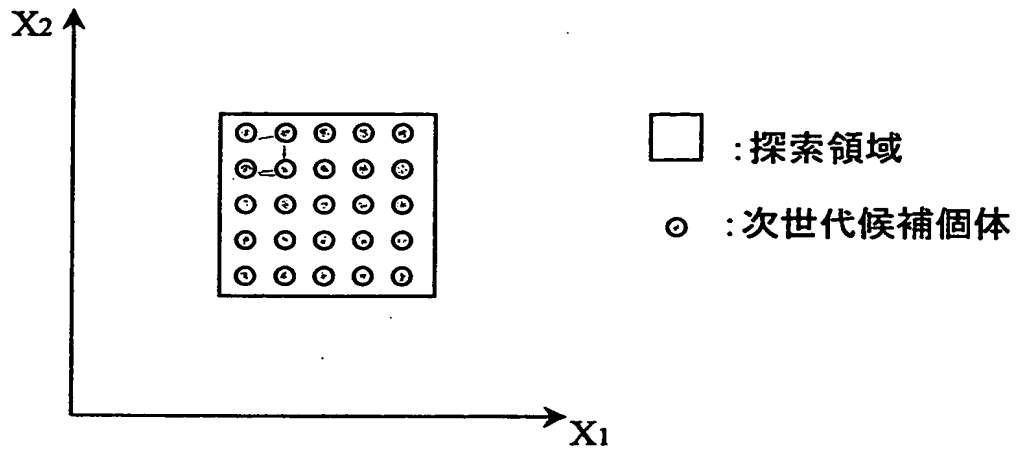
②: エリート評価値により変更
(現探索領域の大きさを基準に変更)

(b)

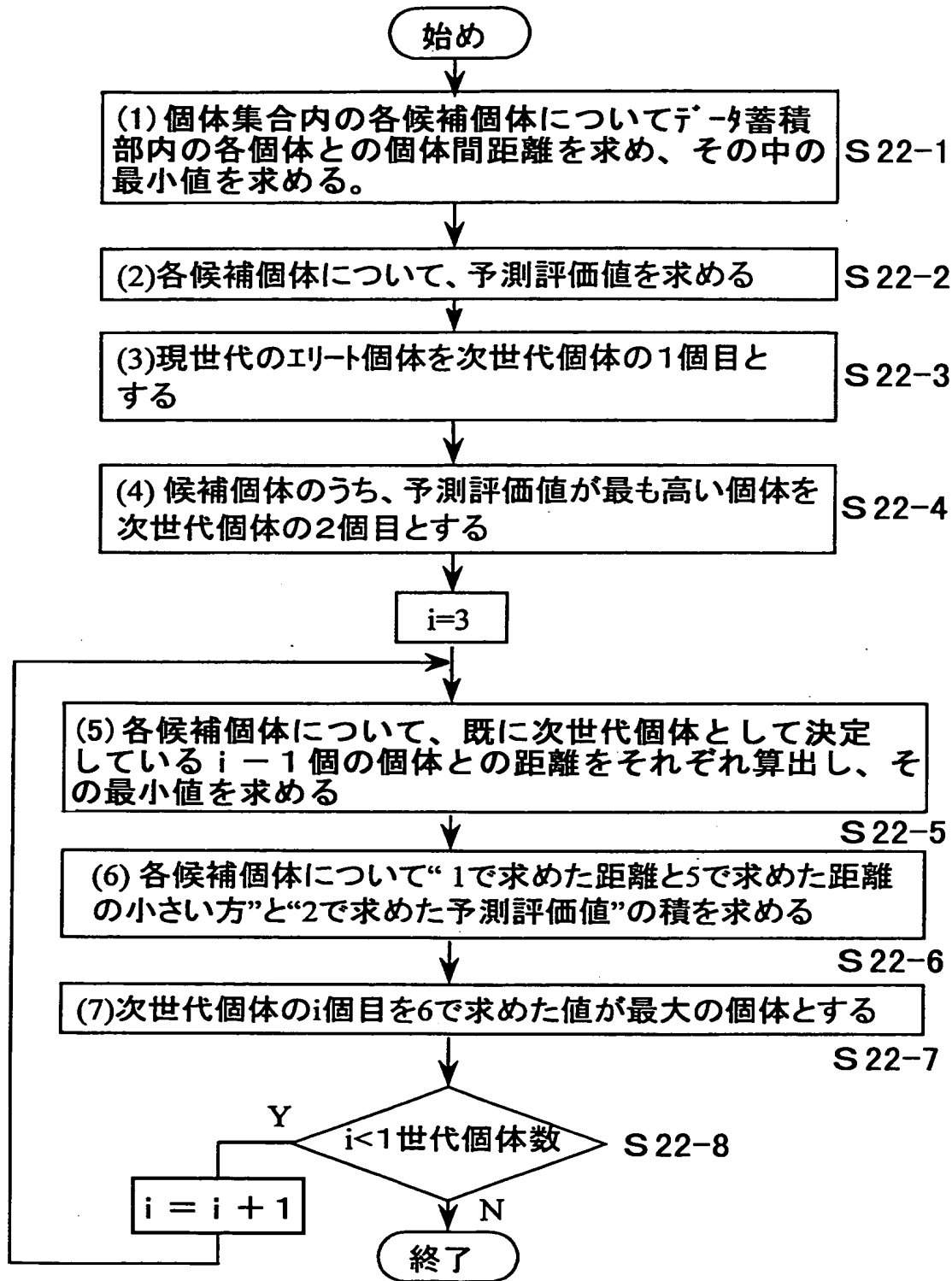
エリート評価値Y	探索領域の大きさ (中心から端までの距離) の変更量			
	SP1	SP2	DR	AG
$0 \leq Y < 50$	+5	+5	+5	+5
$50 \leq Y < 70$	0	0	0	0
$70 \leq Y < 100$	-5	-5	-5	-5

【図 2 1】

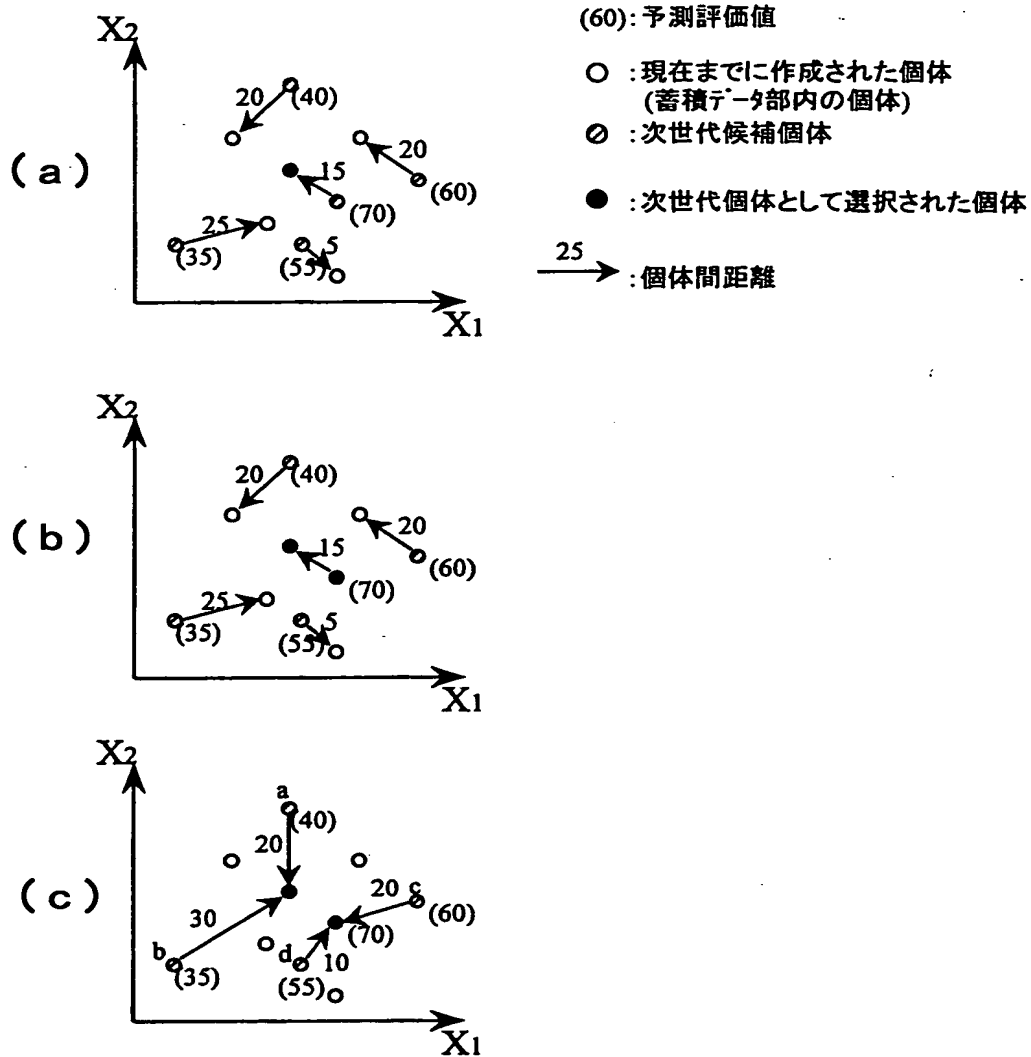
・探索領域内で一定間隔で網羅的に次世代候補個体を作成



【図 22】



【図 2 3】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 次世代の個体を作成する際に、解空間上における個体の位置をある程度制限できるようにして進化を効率よく進めることができる進化型計算における進化効率化方法を提供すること。

【解決手段】 本発明に係る進化型計算を用いた最適化方法における進化効率化方法は、複数の個体からなる個体群で一つの世代を形成し、少なくとも、その世代の個体を使って演算を行い、次世代の個体群を作成する操作を繰り返すことにより適応度の高い個体を得る進化型計算を用いた最適化方法において、解空間に次世代の個体の探索領域を設け、前記探索領域内で次世代の個体群を作成することを特徴とする。

【選択図】 図 1

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [000010076]

1. 変更年月日	1990年 8月29日
[変更理由]	新規登録
住 所	静岡県磐田市新貝2500番地
氏 名	ヤマハ発動機株式会社